



UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS - CCA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM TECNOLOGIAS APLICADAS A ANIMAIS DE  
INTERESSE REGIONAL – PPGTAIR

**BIANCA DE CARVALHO SOUSA**

**OCORRÊNCIA E DIVERSIDADE DE *Candida spp.* ISOLADAS DE CATETOS (*Pecari tajacu* Linnaeus, 1758) MANTIDOS *ex situ***

Teresina, PI  
2025

**BIANCA DE CARVALHO SOUSA**

**OCORRÊNCIA E DIVERSIDADE DE *Candida spp.* ISOLADAS DE CATETOS (*Pecari tajacu* Linnaeus, 1758) MANTIDOS *ex situ***

Dissertação apresentada a Universidade Federal do Piauí – UFPI, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Tecnologias Aplicadas a Animais de Interesse Regional – PPGTAIR, na área de concentração Diagnósticos Avançados em Medicina Veterinária, linha de pesquisa Diagnóstico e Terapêutica em Medicina Veterinária como requisito para obtenção do título de Mestre em Ciências.

Orientadora: Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Raizza Eveline Escórcio Pinheiro

Teresina, PI

2025


**BIANCA DE CARVALHO SOUSA**

**OCORRÊNCIA E DIVERSIDADE DE *Candida spp.* ISOLADAS DE CATETOS (*Pecari tajacu* Linnaeus, 1758) MANTIDOS *ex situ***

Dissertação apresentada a Universidade Federal do Piauí – UFPI, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Tecnologias Aplicadas a Animais de Interesse Regional – PPGTAIR, na área de concentração Diagnósticos Avançados em Medicina Veterinária, linha de pesquisa Diagnóstico e Terapêutica em Medicina Veterinária como requisito para obtenção do título de Mestre em Ciências.


Orientadora: Prof<sup>ª</sup> Dr<sup>ª</sup> Raizza Eveline Escórcio Pinheiro

**BANCA EXAMINADORA**

Documento assinado digitalmente  
 **RAIZZA EVELINE ESCORCIO PINHEIRO**  
Data: 03/02/2025 09:13:48-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>


---

**Prof.ª Dr.ª. Raizza Eveline Escórcio Pinheiro**  
(Presidente / Orientadora) / DMV/ CCA / UFPI

Documento assinado digitalmente  
 **MARIA JOSE DOS SANTOS SOARES**  
Data: 03/02/2025 14:23:47-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

**Prof. Dr.ª. Maria José dos Santos Soares**  
(Examinador interno) / DMV/ CCA / UFPI

Documento assinado digitalmente  
 **KATHLEEN RAMOS DEEGAN**  
Data: 06/02/2025 10:39:21-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

**Dr.ª. Kathleen Ramos Deegan**  
(Examinador externo) / UFBA

## AGRADECIMENTOS

À minha mãe por todo o incentivo ao longo desses anos, mesmo sem entender muito bem porque passo tanto tempo no laboratório com “coisas feias”.

À minha orientadora Raizza Eveline Escórcio Pinheiro pela paciência, confiança, incentivo, fofocas e ensinamentos durante esses 2 anos.

À minha mãe de laboratório Maria José dos Santos Soares, que certamente estaria puxando minha orelha por tantos atrasos, embora orgulhosa pelo caminho que trilho.

Aos meus amigos e companheiros de laboratório e pesquisa: Márcio, Alyne, Clara, Leidi, Felipe, Mirian, Patrick, pelas boas horas de conversa, por embalar e limpar placa, pelos raros lanches e acima de tudo pela força e por **nunca** me deixar desistir.

À professora Lilian Silva Catenacci e a equipe do NEPPAS, pela dedicação e auxílio durante as coletas.

À Nathália Castelo Branco e Carla Janyele, por me ouvirem um milhão de vezes sobre “*Candida*” e “*Cateto*” sempre que estávamos juntas!

À Iza e ao Michael pelas cervejas, compartilhando dicas, ouvindo reclamações e lamúrias na mesa de bar, além de sofrerem comigo nas disciplinas. Vocês são grandes pesquisadores e sou muito feliz por conhecê-los.

Ao professor André Luis Souza dos Santos e ao Antônio Lima Braga da UFRJ pelo incentivo, apoio e possibilidade de realização dessa dissertação.

À Universidade Federal do Piauí, por me abrigar durante todos esses anos – desde 2017 e contando!

Ao PPGTAIR estímulo, apoio e concessão da bolsa de mestrado, importantes para a conclusão deste trabalho.

A todos que de alguma maneira contribuíram para a realização deste trabalho: muito obrigada!

“É importante, diz o livro em sua cabeça, ignorar aborrecimentos sem importância, evitar lamentações inúteis, e dirigir nossas energias mentais para a realidade imediata e para as tarefas que precisam ser feitas.”

*Margaret Atwood – Orxy e Crake*

## RESUMO

Leveduras do gênero *Candida* são amplamente conhecidas por sua capacidade de colonizar diferentes hospedeiros e causar infecções oportunistas, especialmente em condições de desequilíbrio microbiológico. Apesar de sua importância clínica, estudos sobre a ocorrência e diversidade dessas leveduras em animais silvestres ainda são escassos, limitando o entendimento de seu potencial zoonótico e ecológico. No Brasil, a caça de animais silvestres é proibida por lei, mas a criação comercial para fins alimentares é regulamentada e permitida pela legislação. O cateto (*Pecari tajacu*) destaca-se como uma das espécies utilizadas em criadouros comerciais devido à alta aceitação de sua carne na culinária moderna, bem como suas características zootécnicas, tornando-se uma espécie ideal para sistemas de produção sustentável. Neste contexto, o presente estudo teve como objetivo identificar espécies de *Candida* isoladas de catetos, contribuindo para o conhecimento da microbiota comensal desses animais. Foi realizada uma revisão sistemática para determinar a frequência e a diversidade de *Candida* spp. em amostras de microbiota e processos infecciosos provenientes de mamíferos silvestres. *C. albicans*, *C. parapsilosis*, *C. tropicalis* e *C. krusei* foram as principais cepas identificadas nas 40 espécies de mamíferos silvestres reportadas nos artigos selecionados na revisão sistemática, que incluiu 33 publicações. Para a pesquisa sobre a microbiota dos catetos, foram coletados swabs orais, anais e vaginais de 33 indivíduos mantidos no Núcleo de Estudos, Pesquisas e Preservação de Animais Silvestres (NEPPAS/UFPI). No total, 204 colônias foram isoladas utilizando Ágar *Candida* Cromogênico e 123 cepas foram submetidas a técnicas avançadas de identificação, incluindo MALDI-TOF, PCR e sequenciamento Sanger das regiões ITS1 e ITS4. Entre as espécies identificadas nos diferentes sítios destacaram-se *C. tropicalis*, *C. glabrata*, *C. krusei*, *C. parapsilosis* e *C. africana*. Esses achados destacam a importância de métodos moleculares para a identificação precisa de microrganismos, além de contribuir para estudos da microbiota comensal dos catetos e seu potencial papel na saúde animal, humana e em sistemas de produção sustentável.

**Palavras-chave:** Animais silvestres, *Candida africana*, Microbiota, Taiacuideo

## ABSTRACT

Yeasts of the genus *Candida* are widely known for their ability to colonize different hosts and cause opportunistic infections, especially in conditions of microbiological imbalance. Despite their clinical importance, studies on the occurrence and diversity of these yeasts in wild animals are still scarce, limiting understanding of their zoonotic and ecological potential. In Brazil, hunting wild animals is prohibited by law, but commercial farming for food purposes is regulated and permitted by legislation. The collared peccary (*Pecari tajacu*) stands out as one of the species used in commercial farms due to the high acceptance of its meat in modern cuisine, as well as its zootechnical characteristics, making it an ideal species for sustainable production systems. In this context, the aim of this study was to identify *Candida* species isolated from peccaries, contributing to knowledge of the commensal microbiota of these animals. A systematic review was carried out to determine the frequency and diversity of *Candida* spp. in microbiota samples and infectious processes from wild mammals. *C. albicans*, *C. parapsilosis*, *C. tropicalis* and *C. krusei* were the main strains identified in the 40 different species of wild mammals reported in the articles selected in the systematic review, which included 33 publications. For the research into the microbiota of collared peccaries, oral, anal and vaginal swabs were collected from 33 individuals kept at the Center for Studies, Research and Preservation of Wild Animals (NEPPAS/UFPI). In total, 204 colonies were isolated using Chromogenic Candida Agar and 123 strains were submitted to advanced identification techniques, including MALDI-TOF, PCR and Sanger sequencing of the ITS1 and ITS4 regions. Among the species identified at the different sites, *C. tropicalis*, *C. glabrata*, *C. krusei*, *C. parapsilosis* and *C. africana* stood out. These findings highlight the importance of molecular methods for the accurate identification of microorganisms, as well as contributing to studies of the commensal microbiota of peccaries and its potential role in animal and human health and in sustainable production systems.

**Keywords:** Wild animals, *Candida africana*, Microbiota, Taiaçuídeo

## LISTA DE QUADROS

Quadro 1 - Estudos que identificaram <i>Candida</i> spp da microbiota de mamíferos silvestres.....	24
Quadro 2 - Estudos que identificaram <i>Candida</i> spp. de processos infecciosos em mamíferos silvestres.....	26
Quadro 3 – Cepas de <i>Candida</i> spp. isoladas do sítio oral de catetos e identificadas por diferentes métodos.....	43
Quadro 4 – Cepas de <i>Candida</i> spp. isoladas do sítio anal de catetos e identificadas por diferentes métodos.....	45
Quadro 5 – Cepas de <i>Candida</i> spp. isoladas do sítio vaginal de catetos e identificadas por diferentes métodos.....	46

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Cateto ( <i>Pecari tajacu</i> ).....	12
Figura 2 - Fluxograma de pesquisa de literatura, utilizando PRISMA.....	22
Figura 3 - Ocorrência dos principais métodos de identificação de <i>Candida</i> spp. nos 33 estudos selecionados .....	28
Figura 4 - Ocorrência de espécies de <i>Candida</i> spp. identificadas em processos infecciosos dos estudos selecionados .....	29
Figura 5 - Ocorrência de <i>Candida</i> spp. identificadas na microbiota de mamíferos silvestres dos estudos relacionados.....	30
Figura 6: Visualização pelo Google Maps do Núcleo de Estudos e Pesquisas em Animais Silvestres – NEPAS.....	49
Figura 7 – Colônias de <i>Candida</i> spp. obtidas utilizando Ágar <i>Candida</i> Cromogênico.....	43
Figura 8 - Cepas de <i>Candida</i> spp. isoladas nos sítios oral, anal e vaginal de cateto.....	47

## SUMÁRIO

<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	11
<b>2. REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	12
2.1.    Cateto ( <i>Pecari tajacu</i> Linneaus, 1758).....	12
2.2.    Microbiota de Animais Silvestres .....	14
2.3.    Gênero <i>Candida</i> .....	15
<b>3. OBJETIVOS</b> .....	16
<b>3.2.    Objetivos Específicos</b> .....	17
<b>4. CAPÍTULO I</b> .....	18
<b>5. CAPÍTULO II</b> .....	37
<b>6. CONCLUSÃO</b> .....	55
<b>7. REFERÊNCIAS</b> .....	56

## 1. INTRODUÇÃO

As leveduras do gênero *Candida* são amplamente distribuídas na natureza e estão presentes em ambientes aquáticos, terrestres e em organismos hospedeiros (MACIAS-PAZ *et al.*, 2023; RANA *et al.*, 2023). Na saúde pública, as espécies de *Candida* são responsáveis por infecções graves que desafiam a terapêutica, devido à resistência antifúngica crescente (DAWOUD *et al.*, 2024), mas também desempenham papéis fundamentais como componentes da microbiota natural de diversos organismos. Essa dualidade evidencia sua importância tanto como potenciais patógenos, quanto como elementos-chave no equilíbrio ecológico e no funcionamento dos sistemas biológicos.

A microbiota fúngica é um elemento essencial para a saúde e homeostase dos organismos, desempenhando funções como a modulação do sistema imunológico, a competição com patógenos invasores e a participação em processos metabólicos (FAN; WU; ZHAI, 2023). Em animais silvestres, pouco se conhece sobre a diversidade e funções dessas comunidades fúngicas, embora sejam cruciais para entender as interações ecológicas e o impacto das alterações ambientais na fauna. A compreensão da microbiota desses animais pode revelar novos aspectos sobre a dinâmica de transmissão de patógenos, os riscos zoonóticos e os impactos da antropização nos ecossistemas naturais (LAI; TAN; PAVELKA, 2019).

Entre os animais silvestres de relevância ecológica e econômica no Brasil, destaca-se o cateto (*Pecari tajacu*), um suídeo amplamente distribuído em diferentes biomas. Essa espécie é valorizada por seu papel no ciclo ecológico, como dispersor de sementes e regulador de populações vegetais, e também pelo consumo de sua carne por comunidades tradicionais e ribeirinhas (KEUROGHLIAN *et al.*, 2022; MARINHO; DA SILVA; LISBOA, 2019). Contudo, estudos sobre a microbiota fúngica associada ao cateto são inexistentes, criando uma lacuna de conhecimento que precisa ser explorada (NOBRE *et al.*, 2023). Investigar a presença de *Candida* e outras leveduras nesse hospedeiro pode não apenas contribuir para a compreensão de sua ecologia, mas também fornecer dados importantes para o monitoramento da saúde animal e humana, bem como para o manejo de zoonoses.

Portanto, compreender a interação entre humanos, animais silvestres e fungos patogênicos é essencial para a formulação de estratégias eficazes de conservação e saúde pública. Este trabalho busca preencher essa lacuna de conhecimento, identificando as espécies de *Candida* que compõem a microbiota do cateto.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1. Cateto (*Pecari tajacu* Linneaus, 1758)

O cateto, também conhecido como caititu, taititu ou porco-do-mato, é uma espécie artiodáctila pertencente à família Tayassuidae, que inclui o queixada (*Tayassu pecari* Link, 1795) e porco-do-chaco (*Catagonus wagneri* Rusconi, 1930). Apesar de apresentarem semelhanças com os suínos (família Suidae), os taiacuídeos possuem características distintas, como anatomia dentária e o formato do estômago (CUBAS; SILVA; CATÃO-DIAS, 2014).

*Pecari tajacu* é facilmente identificado pela faixa de pelos brancos que cruza a parte traseira do pescoço, estendendo-se bilateralmente e formando um "colar" que contrasta com sua pelagem cinza-amarronzada ou cinza-escura, conferindo à espécie o nome de pecarídeo de colar (figura 1). Além dessa característica marcante, a espécie possui uma glândula odorífera localizada na região lombar-dorsal, dentição composta por 38 dentes e uma cauda vestigial com apenas sete vértebras coccígeas (APARICIO; PLANA, 2021).

Figura 1: Cateto (*Pecari tajacu*)



Fonte: [https://www.pick-upau.org.br/ong/noticias/noticias\\_2019/2019.01.20\\_ong-materia-conheca-especie-cateto/materia-cateto.htm](https://www.pick-upau.org.br/ong/noticias/noticias_2019/2019.01.20_ong-materia-conheca-especie-cateto/materia-cateto.htm)

Os catetos demonstram uma notável adaptabilidade a diferentes climas e habitats, sendo encontrados desde o sul dos Estados Unidos, passando pelo México e América Central, até toda a bacia amazônica e regiões da América do Sul, incluindo Argentina, além do Norte e

Nordeste do Brasil. Essa ampla distribuição geográfica reflete sua elevada tolerância térmica, permitindo que suportem temperaturas extremas, variando de 0°C a 45°C (MARINHO; DA SILVA; LISBOA, 2019; KEUROGHLIAN *et al.*, 2022).

Desde 2005, a nomenclatura dos membros da família *Tayassuidae* tem sido alvo de diversas revisões e alterações. Na literatura científica, os catetos já foram referidos como *Tayassu tajacu* e *Dicotyles tajacu*, além de *Pecari tajacu*. Embora alguns autores proponham o uso de *Dicotyles tajacu*, baseado na designação de espécie-tipo de Palmer (1904), a International Union for Conservation of Nature and Natural Resources (IUCN) mantém *Pecari tajacu* como a nomenclatura oficial na Lista Vermelha de Espécies Ameaçada (GONGORA *et al.*, 2011; RAMÍREZ-PULIDO *et al.*, 2014; ACOSTA *et al.*, 2020).

São predominantemente frugívoros, possuem uma dieta diversificada, podendo alimentar-se também de raízes, vegetais, folhas, brotos e insetos, a depender da disponibilidade dos recursos em seu habitat. Assim, desempenham uma importante função ecológica como predadores e dispersores de sementes dos ecossistemas que habitam (DESBIEZ, 2012).

Além da sua importância ecológica, o cateto também desempenha um papel significativo como fonte de alimento em diversas regiões, especialmente para comunidades tradicionais e ribeirinhas na América Latina. Sua carne é valorizada por ser considerada saborosa, com características semelhantes às dos suínos domésticos, mas com menor teor de gordura. No Norte e Nordeste do Brasil, a caça do caititu permanece uma prática comum, tanto para subsistência quanto para o comércio local, destacando sua relevância na dieta de populações indígenas e sertanejas, bem como a sua procura na cozinha moderna (DE MORAIS *et al.*, 2017; HANAZAKI, 2023).

No entanto, a exploração não sustentável dessa espécie pode comprometer suas populações naturais, evidenciando a necessidade de estratégias voltadas para a conservação e a promoção de sistemas de manejo sustentável. A criação comercial em cativeiro surge como uma alternativa promissora, considerando a alta adaptabilidade do cateto a diferentes ambientes. Essa prática pode atender à demanda por carne e subprodutos da fauna nativa, ao mesmo tempo que reduz a pressão sobre populações silvestres e os impactos da caça predatória. Além disso, a criação em cativeiro oferece benefícios econômicos às comunidades locais, por meio do fornecimento de proteína animal de qualidade e da comercialização de produtos derivados (DE ALBUQUERQUE *et al.*, 2016; DE MORAIS *et al.*, 2017).

Contudo, é imprescindível que essa atividade seja acompanhada por regulamentações apropriadas e boas práticas de manejo, assegurando o bem-estar animal e a viabilidade econômica e ambiental dos sistemas produtivos (DE ALBUQUERQUE *et al.*, 2016). O

consumo de espécies silvestres, embora enraizado em práticas culturais, requer atenção especial à saúde pública, como observado durante a pandemia de SARS-CoV-2, quando o patógeno foi inicialmente associado ao consumo e comércio de pangolins na China e posteriormente detectado em outros animais (SHARMA; AHMAD FAROUK; LAL, 2021).

## 2.2. Microbiota de Animais Silvestres

A microbiota refere-se ao conjunto de micro-organismos, incluindo bactérias, fungos, vírus e protozoários, que habitam ambientes específicos, como o corpo de um hospedeiro (animal ou humano) ou um ecossistema. Sua composição pode variar entre comensais, mutualistas ou patogênicos, sendo influenciada por fatores ambientais, genéticos, comportamentais e dietéticos. Essas variáveis impactam diretamente a saúde do hospedeiro, desempenhando funções essenciais como a digestão, a regulação imunológica e a proteção contra patógenos (EL-SAYED; ALEYA; KAMEL, 2021; MA *et al.*, 2023).

Animais selvagens possuem adaptações únicas, como imunidade a patógenos específicos e tolerância a substâncias tóxicas, características intimamente ligadas à microbiota que os coloniza. Submetidos a uma pressão seletiva constante, esses animais apresentam microbiotas adaptadas para lidar com uma diversidade de patógenos, promovendo respostas inflamatórias protetoras e maior resistência a infecções. Além disso, a microbiota desses organismos atua como um reservatório natural de patógenos de importância zoonótica e humana, refletindo interações ecológicas adaptativas (LAI; TAN; PAVELKA, 2019; MA *et al.*, 2023).

Eventos recentes, como a pandemia de COVID-19, atribuída ao coronavírus pelo consumo de carne de pangolins (CHUNG *et al.*, 2024) e a monkeypox (KARAGOZ *et al.*, 2023) bem outras doenças zoonóticas clássicas como a raiva (SOUZA *et al.*, 2024), destacam o impacto global das interações entre humanos e animais selvagens. Essas doenças, muitas vezes emergentes, têm origem na complexa interação entre a microbiota dos hospedeiros silvestres e os fatores ambientais que promovem a transmissão. A dinâmica dessas interações é agravada por atividades humanas, como desmatamento e comercialização de animais selvagens, que aumentam o contato direto entre humanos e espécies reservatórias de patógenos (DALLAS; WARNE, 2023).

Os fungos, por sua vez ao integrar a microbiota dos hospedeiros, desempenham papéis cruciais na formação da imunidade do hospedeiro, manutenção da homeostase e equilíbrio do microbioma. No entanto, quando em desequilíbrio, podem contribuir para o desenvolvimento

de doenças inflamatórias e infecciosas, como dermatites, enteropatias e neuropatias (LAI; TAN; PAVELKA, 2019; FAN; WU; ZHAI, 2023). Apesar de sua relevância, o estudo da microbiota ainda é limitado em comparação com a microbiota bacteriana. O estudo desses microorganismos pode não apenas elucidar rotas de transmissão e períodos de emergência de doenças, mas também contribuir para estratégias de conservação e revelar mecanismos únicos de adaptação imunitária.

Nesse contexto, a identificação prévia da microbiota normal ou zoonótica presente em animais silvestres é fundamental para compreender os agentes que coabitam as espécies. Essa abordagem é indispensável para subsidiar práticas adequadas de monitoramento e manejo em criações comerciais, atividades científicas e de ensino, além de embasar medidas de biossegurança e biosseguridade, protegendo tanto os animais quanto os humanos envolvidos.

### 2.3. Gênero *Candida*

O gênero *Candida* alberga mais de 200 espécies de leveduras (GBIF, 2023), amplamente distribuídas em diversos ecossistemas e organismos, incluindo humanos e animais, onde fazem parte da microbiota comensal, podendo ser encontradas na pele, sistema digestório, trato genito-urinário e mucosas. Embora sejam constituintes da microbiota, podem tornar-se patogênicas em condições de desequilíbrio microbiológico, principalmente em pacientes imunocomprometidos ou em tratamento prolongado com antibióticos de amplo espectro, causando infecções (candidíases) superficiais a sistêmicas, sendo considerados patógenos oportunistas (LOPES; LIONAKIS, 2022).

Caracterizam-se por serem polimórficas ou capazes de realizar um dimorfismo fúngico invertido, ou seja, em determinados momentos apresentam-se como célula leveduriforme (blastoconídeo), sob temperatura ambiente de 25°C ou em condições comensais, ou podem produzir hifas verdadeiras ou pseudo-hifas, geralmente quando participam de um processo infeccioso no indivíduo. Em geral, suas colônias no meio Ágar Sabouraud são circulares, de bordas regulares, de cor branca ou creme, com textura cremosa, superfície lisa, podendo ser brilhantes ou opacas (MACIAS-PAZ *et al.*, 2023).

Dentre as espécies, *Candida albicans* é a mais conhecida devido a sua frequência de isolamento nos processos infecciosos. Essa característica é conferida devido aos diversos fatores de virulência inerentes a espécie como adaptação de temperatura, adesinas e invasinas, secreção de enzimas hidrolíticas e produção de biofilme (MBA; NWEZE, 2020; LOPES; LIONAKIS, 2022). Na última década, espécies não albicans como *Candida auris*, *Candida*

*glabrata*, *Candida tropicalis* e *Candida parapsilosis*, embora não compartilhem as mesmas características virulentas supracitadas, têm sido isoladas de diversos processos infecciosos (WHALEY *et al.*, 2017; TORTORANO *et al.*, 2021; DAWOUD *et al.*, 2024).

Em 2022, uma lista de patógenos fúngicos foi lançada pela World Health Organization (WHO) onde espécies foram categorizadas de acordo com o curso de infecção sistêmica, resistência e implicação aos tratamentos existentes na clínica médica. Nessa classificação, as espécies *C. albicans* e *C. auris* pertencem ao grupo crítico de risco, enquanto *C. glabrata*, *C. tropicalis* e *C. parapsilosis* permaneceram no grupo de alto risco (WHO, 2022).

Embora convivam em harmonia com seus hospedeiros, diversas espécies de *Candida* já foram isoladas de enfermidades em cães e gatos domésticos (REAGAN *et al.*, 2019), aves silvestres e exóticas (DONNELLY; WELLEHAN; QUESENBERRY, 2019; SIMI *et al.*, 2019), cobras (CAFARCHIA *et al.*, 2024) e répteis criados como pets (NARDONI *et al.*, 2008). Apesar disso, a interação dessas leveduras com a cadeia produtiva alimentar permanece pouco explorada e mal compreendida, sendo frequentemente negligenciada, como ocorre com a associação entre tatus e a coccidioidomicose (DALL'ARA, 2022).

A carência de estudos aprofundados sobre microbiota de animais silvestres cria lacunas significativas no entendimento de como esses animais podem atuar como reservatórios de espécies fúngicas com potencial zoonótico ou com resistência aos antifúngicos. Além disso, o monitoramento desses microrganismos permite utilizar os animais como bioindicadores do ecossistema em que vivem, refletindo impactos de fatores como mudanças climáticas, degradação de habitat e situações de estresse ambiental.

Desta maneira, considerando a relevância da cadeia produtiva do caititu para os criatórios de animais silvestres aliados à escassez de estudos sobre a microbiota normal e a possível presença de leveduras do gênero *Candida*, reconhecidas por serem agentes de infecções oportunistas e suas implicações para a saúde pública, realizou-se a presente dissertação.

### **3. OBJETIVOS**

#### **3.1. Objetivo Geral**

- Isolar e identificar cepas de *Candida* spp. isoladas da microbiota de catetos (*Pecari tajacu*) mantidos *ex situ* em Teresina, Piauí.

### 3.2. Objetivos Específicos:

- Realizar uma revisão sistemática da literatura científica disponível acerca das leveduras do gênero *Candida* associadas a mamíferos silvestres;
- Isolar e identificar cepas de *Candida* em espécimes clínicos orais, anais e vaginais utilizando Ágar *Candida* Cromogênico;
- Identificar espécies de *Candida* spp. através da técnica de espectrometria de massa por ionização/dessorção de matriz assistida por laser (MALDI-TOF);
- Confirmar as espécies de *Candida* isoladas através de amplificação e sequenciamento da região ITS.

## 4. CAPÍTULO I

### DIVERSIDADE DE *Candida* spp. ISOLADAS DA MICROBIOTA E DE PROCESSOS INFECCIOSOS EM MAMÍFEROS SILVESTRES: UMA REVISÃO SISTEMÁTICA

Bianca de Carvalho Sousa<sup>1</sup>; Clara Cecília Azevedo Santana<sup>1</sup>; Márcio Leonardo de Moraes Nobre<sup>2</sup>; Lilian Silva Catenacci<sup>1,3,5</sup>; Maria José dos Santos Soares<sup>1,3</sup>; Raizza Eveline Escórcio Pinheiro<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Tecnologias Aplicadas a Animais de Interesse Regional – PPGTAIR/UFPI;

<sup>2</sup>Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Maranhão – IFMA/Campus Caxias;

<sup>3</sup>Departamento de Morfofisiologia Veterinária – DMV/CCA/UFPI;

<sup>5</sup>Programa de Pós-Graduação em Saúde Animal da Amazônia – PPGSAAM/UFPA/Campus Castanhal.

**Resumo:** As leveduras do gênero *Candida* são microrganismos de grande relevância na rotina clínica médica, especialmente em unidades de terapia intensiva, onde estão listadas como patógenos de grupo de risco, devido ao impacto das enfermidades que causam envolvendo pacientes imunocomprometidos. Apesar disso, os fungos frequentemente permanecem negligenciados em comparação a outros agentes infecciosos, e seu papel nos ecossistemas, particularmente em relação à vida silvestre, é ainda pouco explorado. Historicamente, animais silvestres têm sido utilizados como fonte de subsistência por comunidades ribeirinhas e sertanejas, embora o consumo venha sendo regulamentado nos últimos anos. A interação entre animais silvestres, domésticos e seres humanos favorece o intercâmbio microbiano entre diferentes nichos, ampliando o risco de transmissão de microrganismos patogênicos. Assim, esta revisão de literatura reuniu estudos sobre o isolamento de leveduras do gênero *Candida* em sítios comensais e processos infecciosos descritos em mamíferos silvestres, com ênfase em técnicas microbiológicas convencionais de isolamento e identificação fenotípicas. Foram analisados trinta e três estudos, abrangendo vinte e cinco espécies de *Candida*. Embora estas espécies não sejam sempre patogênicas, sua presença em animais de vida livre pode atuar como um indicador de alterações ecológicas e da influência antrópica nesses habitats, além de indicar potenciais impactos na saúde dos mesmos, especialmente em casos de infecções que podem afetar seu estado imunológico e aumentar a vulnerabilidade a outros patógenos. Esses dados reforçam a necessidade de estudos adicionais sobre o papel desses animais como potenciais reservatórios ou sentinelas na disseminação de microrganismos, contribuindo para o monitoramento e manejo de doenças emergentes e a saúde de populações selvagens.

**Palavras-chave:** animais silvestres; fungos; saúde única.

## INTRODUÇÃO

A relação entre humanos e animais vêm se estreitando gradativamente ao longo dos anos, e como reflexo dessa ação, agentes infecciosos antes desconhecidos ou não monitorados emergiram num contexto de saúde pública, como foi visto na pandemia do COVID-19, cujo o patógeno viral SARS-CoV-2 foi isolado de morcegos e pangolins chineses, assim como outros hospedeiros intermediários (SHARMA; AHMAD FAROUK; LAL, 2021).

Concomitantemente, outros agentes zoonóticos como *Leptospira* spp. (DIETRICH *et al.*, 2018; SHINYA *et al.*, 2021; BALCÁZAR *et al.*, 2024) e *Toxoplasma* spp. (AGUIRRE *et al.*, 2019; ALMERÍA *et al.*, 2021) já foram isolados de animais silvestres, evidenciando seu papel como possíveis reservatórios de patógenos de importância.

Nas últimas décadas, o processo de domesticação dos animais facilitou a troca de informações genéticas entre os micróbios de diferentes espécies. Em particular, a crescente popularidade de pets não convencionais, como aves (SANTOS, 2022; TALAZADEH; GHORBANPOOR; SHAHRIYARI, 2022) e répteis (NARDONI *et al.*, 2008), assim como a intensificação de produção da pecuária para atender as demandas do setor alimentício, são medidas/atitude que colaboram com a dispersão de agentes microbiológicos entre espécies, reforçando a importância de monitorar esses eventos em um contexto de saúde única.

Dentro os fungos de interesse médico, as leveduras do gênero *Candida* destacam-se por serem agentes de diversas patologias, incluindo infecções sistêmicas, bem como também compõem a microbiota de humanos e animais. Ainda no contexto pandêmico, *Candida auris* foi popularizada como um “super fungo” devido ao seu amplo perfil de resistência aos fármacos antifúngicos de uso clínico (DU *et al.*, 2020; CHOWDHARY; JAIN; CHAUHAN, 2023). Embora o primeiro registro publicado tenha sido em humanos no Japão em 2009, pesquisas recentes já isolaram essa espécie em cobras (CAFARCHIA *et al.*, 2024).

Mais de 200 espécies compõem o gênero (GBIF, 2023), sendo *C. albicans* o agente mais conhecido, tendo sido identificada em ampla diversidade de hospedeiros, constituindo a microbiota e/ou isolada em processos infecciosos de origem humana e animal, além de possuir diversos fatores de virulência (MACIAS-PAZ *et al.*, 2023) que a destacam no topo dos fungos patogênicos prioritários (WHO, 2022). Nos últimos 15 anos, as espécies não-*albicans* também têm sido isoladas em enfermidades humanas (PARMELAND *et al.*, 2013) e de animais domésticos (REAGAN *et al.*, 2019), além do perfil de baixa susceptibilidade aos antifúngicos, destacando-se assim como agentes emergentes na saúde única (WHALEY *et al.*, 2017; TORTORANO *et al.*, 2021).

Estudos conduzidos sobre a microbiota de animais nos permite uma maior compreensão da ecologia e do papel que os micróbios tem em diferentes organismos, como o isolamento e a identificação de *Cryptococcus* sp. em aves (SIQUEIRA *et al.*, 2022; TAHA *et al.*, 2024) e *Histoplasma* sp. em morcegos (GUGNANI; DENNING, 2023). Ademais, a carne de animais silvestres é apreciada mundialmente como um prato exótico, bem como também

fonte de proteína de populações ribeirinhas e sertanejas, que frequentemente dependem da caça como estratégia de subsistência (GOMES, 2010). Diferentes agentes microbiológicos já foram isolados de várias espécies silvestres consumíveis (HOCHBERG; BHADELIA, 2015), assim a compreensão sobre a microbiota é fundamental não apenas para a conservação destes animais, mas também para a saúde pública, uma vez que esses agentes microbiológicos podem ser transmitidos para os humanos.

É limitado o conhecimento acerca do perfil de espécies fúngicas nos animais, principalmente os da fauna silvestre, bem como do papel ecológico destas, sejam agindo como reservatórios de genes de virulência ou resistência, assim como de espécies desconhecidas e/ou com potencial zoonótico. A maioria dos dados se correlaciona a aves, sendo poucos relatos em mamíferos (UGOCHUKWU *et al.*, 2022).

Desta forma, este trabalho tem como objetivo reunir informações a respeito das leveduras do gênero *Candida* em mamíferos silvestres, buscando contribuir com dados sobre a presença e/ou diversidade deste microrganismo, com especial interesse sobre catetos.

## **METODOLOGIA**

A presente revisão sistemática seguiu as diretrizes propostas pelo Preferred Reporting Items for Systematic Review and Meta-Analysis, PRISMA (SALAMEH *et al.*, 2020). Os arquivos foram consultados dos buscadores de periódicos online (PubMed, Scopus, SciELO, Web of Science, BVS Veterinária), sem intervalo de tempo definido. Também foram considerados somente os trabalhos escritos em Inglês, Espanhol e Português, utilizando os operadores booleanos a seguir: (wild animal) OR (wildlife) OR (wild mammal) AND (*Candida*).

Após uma análise completa dos artigos encontrados, foram definidos critérios de inclusão que abrangeram estudos que identificaram e/ou isolaram espécies de *Candida* spp em mamíferos silvestres, seja como agente patológico em processos infecciosos ou constituinte da microbiota comensal. Os estudos considerados empregaram, inicialmente, métodos fenotípicos de identificação, como isolamento em meios de cultura de rotina laboratorial. Contrariamente, os métodos de exclusão compreenderam capítulos de livros, artigos de revisão, revisão sistemática e/ou metagenômica, publicações em idiomas não contemplados além dos supracitados, métodos de identificação que se utilizaram exclusivamente de técnicas moleculares e ensaios imunológicos e genéticos.

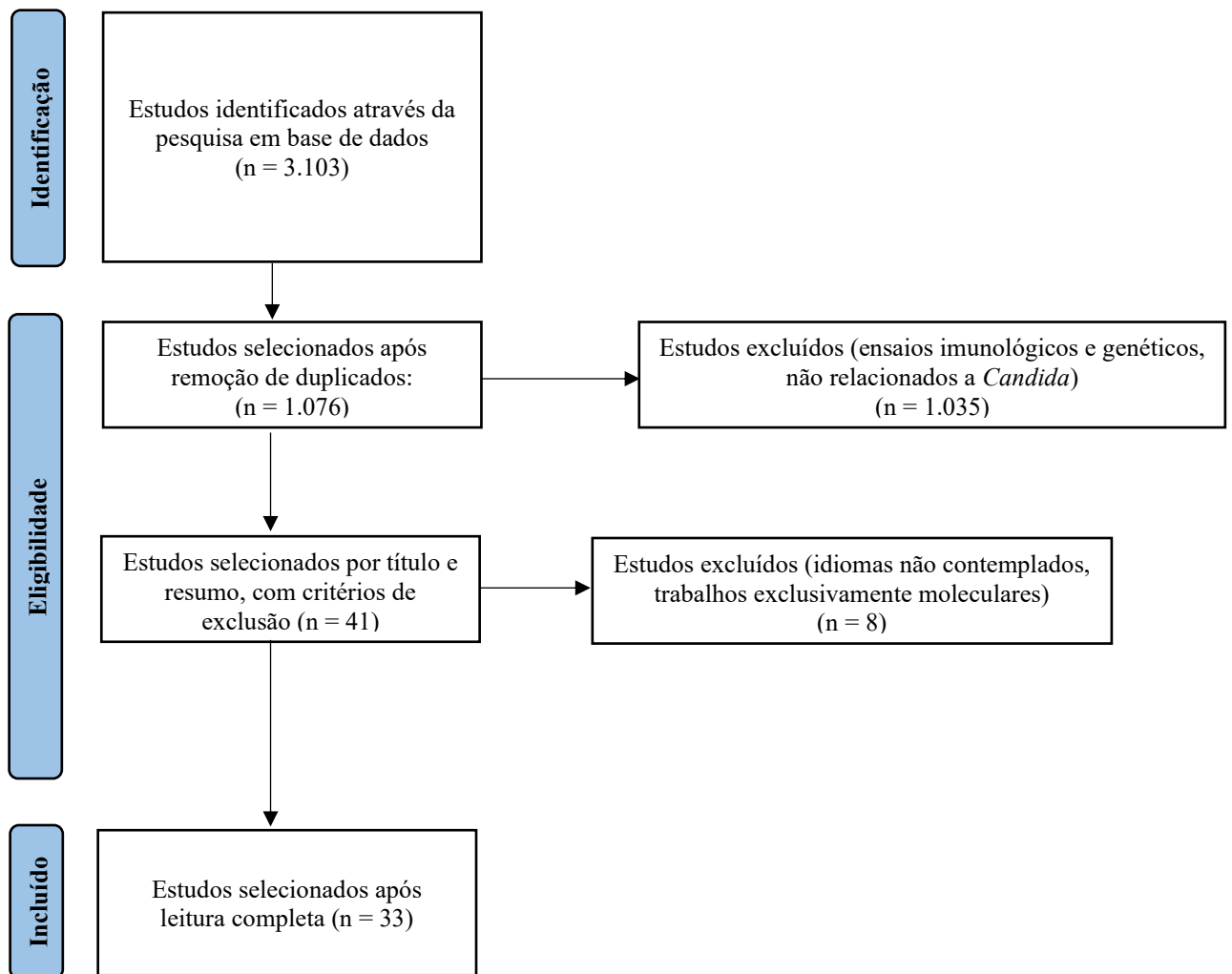
Os estudos que não foram classificados nos termos acima descritos foram excluídos da contagem total. Devido às recentes mudanças taxonômicas (KIDD; FERRY; ALIREZA, 2022) envolvendo espécies previamente classificadas no gênero *Candida*, nesta revisão sistemática foram consideradas todas as espécies que, em algum momento, pertenceram a este gênero, independentemente de alterações nomenclaturais recentes, objetivando ampliar o número de estudos incluídos, uma vez que nem todos os autores se adequaram às novas classificações taxonômicas.

Dois avaliadores independentes determinaram a eletividade dos artigos analisados através dos critérios escolhidos e avaliaram as publicações quanto a espécie animal, localização geográfica, tipo de estudo, espécie fúngica pertencente ao gênero, sítio anatômico e descrição do caso.

## **RESULTADOS E DISCUSSÃO**

Um total de 3.103 publicações foram encontradas nas bases e coleções de dados, incluindo artigos, teses, dissertações, monografias, livros e anais de eventos. Por conseguinte, estes foram incluídos no *software* gerenciador de referências Zotero®, para remoção de arquivos duplicados. Após a aplicação dos critérios de elegibilidade/exclusão, foram obtidos um número reduzido de publicações acerca das leveduras do gênero *Candida* em mamíferos silvestres, como ilustra a figura 2.

Figura 2 – Fluxograma de pesquisa de literatura, utilizando PRISMA.



Entre os 33 estudos elegíveis, 18 abordaram a microbiota comensal de animais saudáveis (Quadro 1), enquanto os 15 restantes estavam relacionados a processos infecciosos (Quadro 2). Um total de 40 espécies diferentes de mamíferos foram categorizadas em animais marinhos, artiodáctilos, primatas, roedores e lagomorfos, quirópteros e carnívoros. Trabalhos que apresentaram diversas espécies de animais num único estudo foram alocados em um grupo próprio. Em relação as *Candida* spp. foram identificadas 25 espécies nas pesquisas selecionadas. Todavia, 11 trabalhos não conseguiram caracterizar as cepas isoladas, conforme detalhado nos quadros 1 e 2.

A presença de *Candida* em mamíferos é um indicativo de equilíbrio ecológico, visto que são microrganismos comensais, mas a sua supercolonização pode sinalizar uma possível infecção. Por outro lado, as enfermidades podem ocorrer em condições de imunossupressão ou

desequilíbrio desta microbiota saudável. Os estudos analisados são importantes para entender como a levedura pode atuar como um agente patogênico, descobrir as espécies mais frequentes em mamíferos silvestres e avaliar fatores que podem predispor os animais a uma candidíase, como estresse, manejo inadequado, uso de antibióticos e doenças concomitantes (ALVES; ELSTON; BRISOLA, 2017).

Quadro 1 – Estudos que identificaram *Candida* spp. na microbiota de mamíferos silvestres.

REFERÊNCIA	ESPÉCIE ANIMAL	ESPÉCIE <i>Candida</i>	SÍTIO ANATÔMICO	LOCALIDADE
<b>ANIMAIS MARINHOS</b>				
BUCK (1980)	Golfinho-nariz-de-garrafa ( <i>Tursiops truncatus</i> ) e Beluga ( <i>Delphinapterus leucas</i> )	<i>C. tropicalis</i> <i>C. parapsilosis</i> <i>C. glabrata</i> <i>C. albicans</i> <i>C. pelliculosa</i> var. <i>cylindrica</i> <i>C. humicola</i> <i>C. bovina</i>	Swab retal e amostra de fezes	Connecticut, EUA
SHOTTS <i>et al.</i> , (1990)	Baleia-da-groenlândia ( <i>Balaena mysticetus</i> )	<i>C. famata</i> <i>C. krusei</i> <i>C. parapsilosis</i> <i>C. rugosa</i> <i>C. viswanathii</i> <i>C. lipolytica</i> <i>C. humicola</i> <i>C. intermedia</i> <i>C. pseudotuberculosis</i> <i>C. stellatoides</i> <i>C. utilis</i> <i>C. guilliermondii</i>	Amostras (fragmentos) e swab de pele saudável e lesionada	Barrow, Alasca
MORRIS <i>et al.</i> , (2011)	Golfinho-nariz-de-garrafa ( <i>Tursiops truncatus</i> )	<i>C. albicans</i> , <i>C. glabrata</i> , <i>C. rugosa</i> , <i>C. tropicalis</i> e <i>C. utilis</i>	Buraco respiratório, fluido gástrico e swab anal.	Sudeste dos EUA
CORDEIRO <i>et al.</i> (2015)	Cachalote-anão ( <i>Kogia sima</i> ) Peixe-boi-da-amazônia ( <i>Trichechus inunguis</i> ) Peixe-boi-marinho ( <i>Trichechus manatus</i> )	<i>C. tropicalis</i>	-	Ceará, Brasil
BRITO DEVOTO <i>et al.</i> , (2022)	Elefante-marinho-do-sul ( <i>Mirounga leonina</i> ) e Foca-de-weddell ( <i>Leptonychotes weddellii</i> )	<i>C. parapsilosis</i>	Swabs oral e nasal.	Antártica argentina
COLOMBO <i>et al.</i> , (2024)	Peixe-boi-da-amazônia ( <i>Trichechus inunguis</i> )	<i>C. orthopsilosis</i> e <i>C. parapsilosis</i>	Cavidade nasal e reto	Manaus, Amazonas. Brasil
<b>ARTIODÁCTILOS</b>				
AL SAGGAF <i>et al.</i> , (2011)	Gazela da montanha ( <i>Gazella gazella</i> ); Gazela árabe-do-deserto ( <i>Gazella subgutturosa marica</i> )	<i>C. albicans</i>	Swab retal	Riad, Arábia Saudita
RHIMI <i>et al.</i> , (2022)	Javali ( <i>Sus scrofa</i> )	<i>C. albicans</i> , <i>C. krusei</i> , <i>C. parapsilosis</i> , <i>C. fermentati</i> , <i>C. guilliermondii</i> , <i>C. lambica</i> , <i>C. metapsilosis</i> e <i>C. lusitaniae</i> .	Amostra de fezes	Sul da Itália
<b>PRIMATAS</b>				
LIANG <i>et al.</i> , (2005)	Gorila-do-ocidente ( <i>Gorilla gorilla gorilla</i> )	<i>Candida</i> sp.	Swab da pálpebra	Texas, EUA
CARVALHO <i>et al.</i> , (2014)	Mico-leão-preto ( <i>Leontopithecus chrysopygus</i> )	<i>C. guilliermondii</i> , <i>C. parapsilosis</i> , <i>C. lusitaniae</i> , <i>C. tropicalis</i> , <i>C. famata</i> , <i>C. humicola</i> , <i>C. rugosa</i> , <i>C. colliculosa</i>	Microbiota nasal, oral e retal	São Paulo e Rio de Janeiro, Brasil

		<i>C. magnoliae</i> , <i>C. krusei</i> <i>Candida sp</i>		
<b>ROEDORES E LAGOMORFOS</b>				
HUBÁLEK; ROSICKÝ; OTCENÁSEK, (1980)	Ratazana do banco ( <i>Clethrionomys glareolus</i> ) Rato-do-campo-do-pescoço-amarelo ( <i>Apodemus flavicollis</i> )	<i>Candida sp.</i>	Fígado, baço e pulmões	Checoslováquia e Iugoslávia
(MERRITT <i>et al.</i> , 1982)	Coelho-europeu ( <i>Oryctolagus cuniculus</i> )	<i>C. krusei</i>	Bolsa inguinal.	Austrália
SUEPAUL; CHARLES; DZIVA, (2016)	Cutia ( <i>Dasyprocta leporina</i> )	<i>Candida sp.</i>	<i>Swab</i> nasal	Trindade, Caribe
CRUCIANI <i>et al.</i> , (2022)	Esquilo-cinzeno ( <i>Sciurus carolinensis</i> )	<i>C. albicans</i>	<i>Swab</i> oral, retal e vaginal	Úmbria, Itália
DE OLIVEIRA <i>et al.</i> , (2023)	Paca ( <i>Cuniculus paca</i> )	<i>Candida spp</i>	Amostra de pele	Acre, Brasil
SOKOLIK; FRANKLIN-GUILD; CHILDS-SANFORD, (2024)	Porco-espinho-norte-americano ( <i>Erethizon dorsatum</i> )	<i>Candida spp.</i>	Espinho	Nova York e Connecticut, EUA
<b>QUIRÓPTEROS</b>				
GULRAIZ <i>et al.</i> , (2017)	Raposa voadora ( <i>Pteropus giganteus</i> )	<i>Candida spp</i>	Bólus	Laore, Paquistão
<b>CARNÍVOROS</b>				
GOATCHER <i>et al.</i> , (1987)	Urso-negro ( <i>Ursus americanus</i> ) e Urso pardo ( <i>Ursus arctos</i> )	<i>Candida spp.</i>	<i>Swabs</i> nasal, retal, prepucial e vaginal	Alberta, Canadá

Legenda: (-) autores não informaram o sítio anatômico do isolamento.

Quadro 2 – Estudos que identificaram *Candida* spp. em processos infecciosos de mamíferos silvestres.

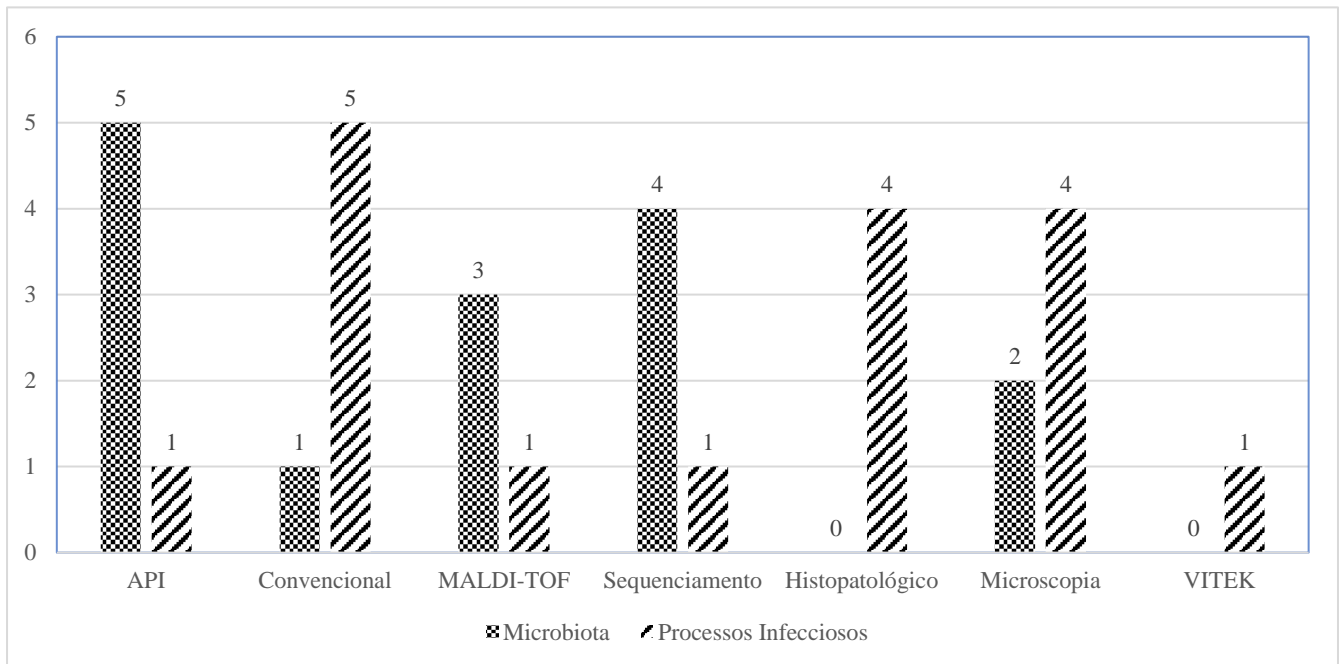
REFERÊNCIA	ESPÉCIE ANIMAL	ESPÉCIE DE CANDIDA	DESCRIÇÃO	LOCALIDADE
<b>ANIMAIS MARINHOS</b>				
DUNN; BUCK; SPOTTE, (1984)	Foca cinzenta ( <i>Halichoerus grypus</i> ) Foca comum ( <i>Phoca vitulina</i> ) Lobo-marinho-do-norte ( <i>Callorhinus ursinus</i> ) Leão-marinho-da-Califórnia ( <i>Zalophus californianus</i> ) Elefante-marinho-do-norte ( <i>Mirounga angustirostris</i> )	<i>Candida albicans</i>	Alopecia periocular, vaginite com secreção, dermatite perianal e perivaginal e nadadeira traseira, inflamação nas junções mucocutâneas, áreas de alopecia pelo corpo e descargas nasais purulentas	Connecticut, EUA
POLLOCK; ROHRBACH; RAMSAY, (2000)	Leão-marinho californiano ( <i>Zalophus californianus</i> ); Foca-comum ( <i>Phoca vitulina</i> )	<i>C. zeylanoides</i> <i>C. lipolytica</i>	Lesões cutâneas eritematosas, espessadas e alopecias nas nadadeiras e região periocular/facial	Tennessee, EUA
(BORKOWSKI <i>et al.</i> , (2007)	Foca comum ( <i>Phoca vitulina</i> )	<i>C. albicans</i>	Blefaredeema, descarga ocular	Florida, EUA
MOUTON <i>et al.</i> , (2009)	Baleia-franca-austral ( <i>Eubalaena australis</i> )	<i>C. zeylanoides</i>	Animal encontrado morto na costa praiana, cuja amostras de pele foram isoladas <i>Candida</i>	Cabo Ocidental, África do Sul
<b>ARTIODÁCTILOS E PERISSODÁCTILOS</b>				
BAUWENS; DEVROEY; DEMEURICHY, (1996)	Rinoceronte branco do sul ( <i>Ceratotherium simum simum</i> )	<i>C. parapsilosis</i>	Dermatite esfoliativa associada com <i>Malassezia pachydermatis</i>	Antuérpia, Bélgica
ZLOTOWSKI <i>et al.</i> , (2011)	Javali ( <i>Sus scrofa</i> )	<i>C. albicans</i>	Massas de crescimento fúngico de cor amarela-verde na mucosa e superfície da cartilagem, abscessos subcutâneos multifocais na superfície maxilar. Rinite micótica	Rio Grande do Sul, Brasil
<b>PRIMATAS</b>				
DUBUIS; LUCAS, (2003)	Chimpanzé ( <i>Pan troglodytes</i> )	<i>Candida sp.</i>	Lesões cutâneas, pele ressecada, prurido intenso e áreas de alopecia	Camarões, África Central
BRUM CLEFF <i>et al.</i> , (2008)	Macaco-prego ( <i>Cebus apella</i> )	<i>C. albicans</i>	Emagrecimento progressivo, lesões cutâneas ulcerativas e descamativas	Rio Grande do Sul, Brasil
DE LA HOZ <i>et al.</i> , (2020)	Guariba-vermelho ( <i>Alouatta seniculus</i> ); Macaco-da-noite ( <i>Aotus sp</i> ); Macaco-prego-da-testa-branca ( <i>Cebus albifrons</i> )	<i>C. albicans</i>	Lesões alopecicas, placas eritematosas,	Valledupar Colômbia
<b>ROEDORES E MARSUPIAIS</b>				
OBENDORF, (1980)	Canguru cinza oriental ( <i>Macropus giganteus</i> )	<i>C. albicans</i> e <i>C. glabrata</i>	Anorexia, perda de peso, diarreia fétida, depressão e desordens pulmonares	Victoria, Melbourne, Austrália
CASTELO-BRANCO <i>et al.</i> , (2013)	Ouriço-cacheiro ( <i>Coendou prehensilis</i> )	<i>C. albicans</i>	Infecção generalizada. Pulmões, fígado, baço, rins e linfonodos apresentaram micro abscessos onde foi isolado <i>C. albicans</i>	Fortaleza, Ceará, Brasil
<b>CARNÍVOROS</b>				
LA PERLE <i>et al.</i> , (1998)	Guepardo ( <i>Acinonyx jubatus</i> )	<i>Candida sp</i>	Candidíase sistêmica	EUA
KONJEVIĆ <i>et al.</i> , (2011)	Tigre siberiano ( <i>Panthera tigris altaica</i> )	<i>Candida sp</i>	Faringite ulcerativa, amigdalite necrótica, gastroenterite catarral a pseudomembranosa, edema hemorrágico, necrose multifocal	Zagreb, Croácia

			em fígado e pâncreas, diagnosticado com cinomose	
WILSON <i>et al.</i> , (2024)	Tigre-de-sumatra ( <i>Panthera tigris sumatrae</i> )	<i>C. albicans</i>	Nefrite crônica e pielonefrite necrosante	Jackson, Mississippi, EUA
DIVERSAS ESPÉCIES				
CALDERÓN- HERNÁNDEZ; CASTRO- BONILLA; COB- DELGADO, (2024)	Morcego ( <i>Pteronotus parnelli</i> ), Tamanduá mexicano ( <i>Tamandua mexicana</i> ), preguiça-de- hoffmann ( <i>Choloepus hoffmannii</i> )	<i>C. parapsilosis</i> , <i>C. glabrata</i> , <i>C.</i> <i>guilliermondi</i> , <i>C.</i> <i>tropicalis</i>	Swab ouvido, biópsia de pulmão, swabs de lesão da cavidade oral, biópsia estômago, raspado de pele, biópsia de pulmão. Sem descrição de manifestações clínicas.	Heredia, Costa Rica

Comumente as infecções fúngicas são negligenciadas mediante outras enfermidades, principalmente em relação as de origem bacteriana. A falta de laboratórios familiarizados com a rotina micológica bem como o conhecimento das doenças fúngicas atrasam o diagnóstico da infecção ativa, tal como a instituição da terapêutica apropriada. A identificação precoce é importante para o manejo adequado e sucesso do tratamento, monitoramento da saúde populacional e estabelecimento de estratégias de controle e conservação (RODRIGUES; NOSANCHUK, 2020).

Neste sentido, Para as cepas isoladas de microbiota, os trabalhos avaliados mostraram que a identificação fenotípica das cepas, por meio do sistema API (Índice de Perfil Analítico) foi utilizado em 27,77% dos trabalhos, seguido por MALDI-TOF e sequenciamento molecular em 16,66%. Rhimi *et al.* (2022) também utilizaram o VITEK em conjunto das técnicas supracitadas. Em relação ao diagnóstico microbiológico dos processos infecciosos que revelaram a presença de *Candida* spp., estes foram realizados por meio de provas convencionais (produção de clamidósporos, assimilação de carboidratos, prova da urease, prova do tubo germinativo) em 33,33% dos estudos, seguido por histopatológico (26,66%), PCR e sequenciamento (13,33%). Entretanto, 26,66% dos artigos encontrados não dispuseram informações sobre as técnicas de diagnóstico. A figura 3 apresenta os métodos mais utilizados que foram descritos nos trabalhos.

Figura 3 – Ocorrência dos principais métodos de identificação de *Candida* spp. nos 33 estudos selecionados.

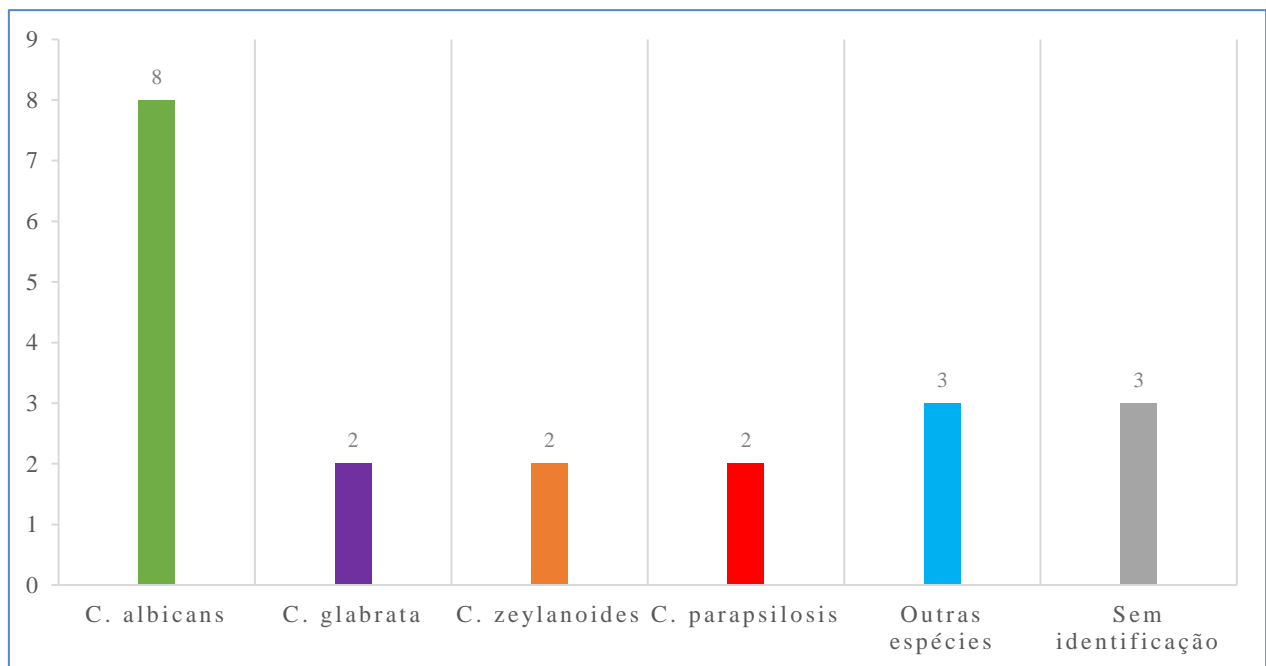


Majoritariamente, os meios de cultura utilizados para o isolamento das amostras foram Ágar Sabouraud (ASD) com e sem modificações (69,69%), Ágar Mycosel (9,09%), Ágar Batata (6,06%), Ágar Extrato de Malte (6,06%), Cromagar (6,06%), e Ágar Difco (6,06%), Ágar Bismuto Glicose Glicerina e Extrato de Levedura (6,06%). Morris e colaboradores (2011) utilizaram, além de ASD, Ágar Triptona de Soja (TSA) com 5% de sangue de carneiro, Ágar Extrato de Malte e Ágar Mycosel. Cordeiro *et al.*, (2015) recorreram ao Ágar Ureia de Christeen para verificar a produção de urease das cepas de *Candida tropicalis*, assim como a produção de clamidósporo em Ágar Fubá e pureza de colônia com Ágar Cromogênico.

*C. albicans* foi a espécie mais frequentemente isolada nos processos infecciosos relatados em animais silvestres, aparecendo em 46,66% dos estudos analisados (Figura 4). Esse dado reflete um padrão já bem estabelecido em seres humanos e animais domésticos (REAGAN *et al.*, 2019), onde *C. albicans* é reconhecida como a principal espécie oportunista, devido à sua ampla distribuição, capacidade de aderência e invasão tecidual, além de diversos fatores de virulência que pode expressar (PARMELAND *et al.*, 2013; PARAMBATH *et al.*, 2024). *C. glabrata* (13,33%) foi a segunda espécie mais a prevalente nos estudos avaliados. Esse resultado demonstra a crescente importância clínica deste microrganismo, especialmente devido à sua resistência intrínseca e adaptabilidade a diferentes hospedeiros (SILVA *et al.*,

2012). Esses resultados sugerem que os fatores de virulência e a capacidade de adaptação dessas espécies não estão restritos a ambientes antropogênicos, mas também se manifestam em diferentes populações silvestres, indicando a necessidade de monitoramento e estudos mais aprofundados sobre sua ecologia e impacto na saúde dos animais e dos ecossistemas. Entretanto, em 20% dos estudos analisados, a identificação não foi conduzida além do nível do gênero. Essa limitação pode estar relacionada ao fato de não se tratar de *C. albicans*, que é frequentemente priorizada em pesquisas. Além disso, a ampla diversidade de espécies do gênero e os desafios metodológicos associados à identificação precisa podem desmotivar ou dificultar a continuidade da caracterização. Esses fatores evidenciam a necessidade de maior investimento em métodos de diagnóstico mais acessíveis e eficazes, que permitam a identificação confiável das espécies.

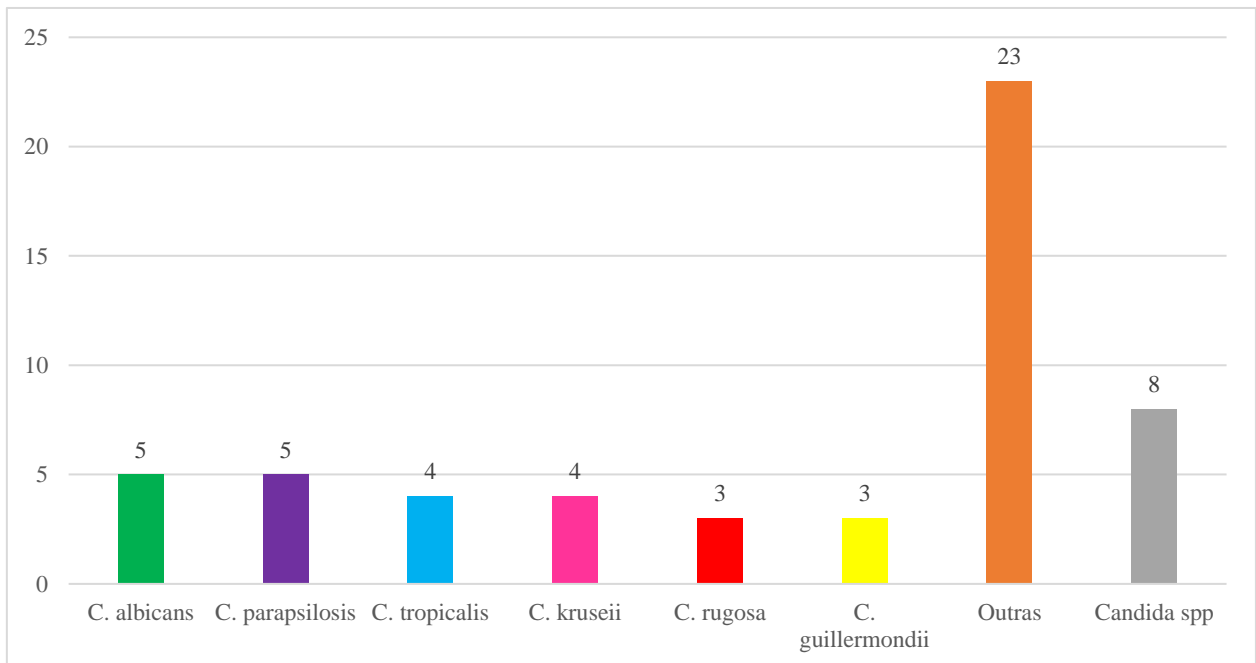
Figura 4 – Ocorrência de espécies de *Candida* spp. identificadas em processos infecciosos dos estudos selecionados.



A figura 5 ilustra a frequência das principais espécies identificadas nos estudos conduzidos sobre microbiota de mamíferos silvestres. Embora *C. albicans* (27,77%) e *C. parapsilosis* (27,77%) tenham sido demonstradas em maior frequência, outras espécies como *C. tropicalis* (22,22%), *C. kruseii* (22,22%), *C. rugosa* (16,66%) também foram identificadas. Esses dados refletem a complexidade das interações entre os organismos, indicando o estado de saúde dos ecossistemas, assim como também fornecem informações sobre monitoramento acerca da resistência antifúngica (CORDEIRO *et al.*, 2015), que são relevantes para a saúde

ambiental, animal e humana. Carvalho *et al.* (2014) identificaram 10 espécies diferentes de *Candida* spp. em mico-leão-preto (*Leontopithecus chrysopygus*). Essa diversidade também foi observada por Rhimi *et al.*, (2022), ao isolar 8 espécies nas fezes de javali (*Sus scrofa*) (Quadro 1).

Figura 5 – Ocorrência das espécies de *Candida* spp. mais identificadas na microbiota de mamíferos silvestres dos estudos selecionados.



Legenda: Espécies que por alguma razão não foram possíveis a identificação a nível de gênero, foram categorizadas em “*Candida* spp”.

Os sítios anatômicos mais frequentemente investigados para o isolamento de *Candida* spp. foram, na ordem de maior ocorrência, retal-anal (38,88%), seguido por sítio nasal (27,77%), oral (16,66%), pele (11,11%), fezes (11,11%), vagina (11,11%) e órgãos viscerais (5,55%). A predominância de isolados oriundos do sítio retal e anal, assim como das fezes, pode estar associada ao fato de o trato gastrointestinal ser um dos principais locais de colonização de leveduras do gênero *Candida* spp (KUNAMOTO, 2020)., assim como nos sítios nasal, oral e vaginal. Além disso, o estudo em populações silvestres revela que outros sítios anatômicos menos usuais, como o espinho do Porco-espinho-norte-americano (*Erethizon dorsatum*) (SOKOLIK; FRANKLIN-GUILD; CHILDS-SANFORD, 2024) e o buraco respiratório do golfinho-nariz-de-garrafa (*Tursiops truncatus*) (MORRIS *et al.*, 2011), também podem ser

colonizados por espécies de *Candida* spp., evidenciando a capacidade adaptativa dessas leveduras e a necessidade de uma abordagem abrangente em diferentes espécies e habitats para compreender sua ecologia e potencial zoonótico.

As manifestações clínicas de candidíase observadas nos estudos analisados foram diversas, incluindo dermatite, blefaredema, gastrite e até mesmo infecções generalizadas, refletindo a ausência de sinais clínicos patognomônicos associados à infecção. Essa variabilidade é atribuída à capacidade das leveduras de colonizar diferentes nichos do organismo, sustentada por uma multiplicidade de fatores de virulência que favorecem a aderência e a invasão tecidual (MBA; NWEZE, 2020; LOPES; LIONAKIS, 2022). Essa adaptabilidade ressalta a importância de considerar *Candida* como um potencial patógeno e que deve ser incluída no diagnóstico diferencial nas condições clínicas supracitadas, uma vez que em tais infecções estas leveduras podem passar despercebidas.

Os isolados encontrados em diferentes regiões reportadas nos Quadros 1 e 2, como Estados Unidos da América (27,27%), Brasil (21,21%), continente Africano (9,09%), Itália (6,06%) e Austrália (6,06%) evidenciam a ampla distribuição geográfica, abrangendo ecossistemas tropicais até regiões de extremo frio. A ocorrência em áreas tão distintas é uma característica bastante elucidada no gênero *Candida* devido a sua capacidade de colonizar diferentes nichos e organismos, reforçando a importância de investigar os fatores ambientais e biológicos que favorecem sua persistência e possível potencial zoonótico.

## CONCLUSÃO

Os resultados desta revisão sistemática evidenciam a presença significativa de leveduras do gênero *Candida* em mamíferos silvestres, com uma ampla diversidade de espécies e diferentes sítios anatômicos colonizados, ressaltando a adaptabilidade dessas leveduras e sua capacidade de colonizar uma variedade de ambientes e hospedeiros. Por fim, este trabalho demonstra a importância de estudos em animais silvestres para compreender o papel dessas leveduras na saúde dos ecossistemas e seu potencial zoonótico.

## REFERÊNCIAS

- AGUIRRE, A. A. *et al.* The One Health Approach to Toxoplasmosis: Epidemiology, Control, and Prevention Strategies. **EcoHealth**, v. 16, n. 2, p. 378–390, jun. 2019.
- AL SAGGAF, M. *et al.* Normal bacterial flora from idmi (*Gazella gazella*) and reem gazelles (*Gazella subgutturosa marica*) in Saudi Arabia. **African Journal of Microbiology Research**, v. 5, n. 28, p. 5090–5096, 30 nov. 2011.
- ALMERÍA, S. *et al.* Seroprevalence and risk factors of *Toxoplasma gondii* infection in wild ungulates that cohabit in a natural park with human–animal interaction in the Mediterranean ecosystem. **Zoonoses and Public Health**, v. 68, n. 3, p. 263–270, maio 2021.
- ALVES, J. N.; ELSTON, L. B.; BRISOLA, M. L. Incidência de *Candida* spp. segundo a sazonalidade em excretas de aves silvestres e exóticas cativas analisadas no Laboratório ADN/Poços de Caldas-MG, Brasil (2010-2014). **Pesquisa Veterinária Brasileira**, v. 37, n. 10, p. 1153–1158, out. 2017.
- BALCÁZAR, L. *et al.* Detection of Antibodies for Pathogenic *Leptospira* in Wild Mammals and Birds from Southern Chile—First Record of Seropositivity in a Guiña (*Leopardus guigna*). **Animals**, v. 14, n. 4, p. 601, 12 fev. 2024.
- BAUWENS, L.; DEVROEY, C.; DEMEURICHY, W. A case of exfoliative dermatitis in a captive southern white rhinoceros (*Ceratotherium simum simum*). **Journal of Zoo and Wildlife Medicine**, v. 27, n. 2, p. 271–274, jun. 1996.
- BORKOWSKI, R. *et al.* Adaptations of subpalpebral lavage systems used for llamas (*Lama glama*) and a harbor seal (*Phoca vitulina*). **Journal of Zoo and Wildlife Medicine**, v. 38, n. 3, p. 453–459, set. 2007.
- BRITO DEVOTO, T. *et al.* Exploring fungal diversity in Antarctic wildlife: isolation and molecular identification of culturable fungi from penguins and pinnipeds. **New Zealand Veterinary Journal**, v. 70, n. 5, p. 263–272, 2022.
- BRUM CLEFF, M. *et al.* Cutaneous candidiasis in a *Cebus apella* (capuchins monkeys). **Ciência Animal Brasileira**, v. 9, n. 3, p. 791–795, 2008.
- BUCK, J. Occurrence of human-associated yeasts in the feces and pool waters of captive bottlenosed dolphins (*Tursiops truncatus*). **Journal of Wildlife Diseases**, v. 16, n. 1, p. 141–149, 1980.
- CAFARCHIA, C. *et al.* *Candida auris* from the Egyptian cobra: Role of snakes as potential reservoirs. **Medical Mycology**, v. 62, n. 7, 4 jul. 2024.
- CALDERÓN-HERNÁNDEZ, A.; CASTRO-BONILLA, N.; COB-DELGADO, M. Chromogenic, Biochemical and Proteomic Identification of Yeast and Yeast-like Microorganisms Isolated from Clinical Samples from Animals of Costa Rica. **Journal of Fungi**, v. 10, n. 3, mar. 2024.
- CARVALHO, V. *et al.* Nasal, oral and rectal microbiota of Black lion tamarins (*Leontopithecus chrysopygus*). **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 45, n. 4, p. 1531–1539, out. 2014.

CASTELO-BRANCO, D. *et al.* Azole-resistant *Candida albicans* from a wild Brazilian porcupine (*Coendou prehensilis*): a sign of an environmental imbalance? **Medical Mycology**, v. 51, n. 5, p. 555–560, jul. 2013.

CHOWDHARY, A.; JAIN, K.; CHAUHAN, N. *Candida auris* Genetics and Emergence. **Annual Review of Microbiology**, v. 77, n. 1, p. 583–602, 15 set. 2023.

COLOMBO, S. *et al.* CHARACTERIZATION OF THE FUNGAL MICROBIOTA IN THE NOSTRILS AND RECTUM OF AMAZONIAN MANATEES (*Trichechus inunguis*) FROM A REHABILITATION PROGRAM IN BRAZIL. **Journal of Zoo and Wildlife Medicine**, v. 55, n. 1, p. 125–135, mar. 2024.

CORDEIRO, R. DE A. *et al.* *Candida tropicalis* isolates obtained from veterinary sources show resistance to azoles and produce virulence factors. **Medical mycology**, v. 53, n. 2, p. 145–152, 1 fev. 2015.

CRUCIANI, D. *et al.* Health Status of the Eastern Grey Squirrel (*Sciurus carolinensis*) Population in Umbria: Results of the LIFE Project “U-SAVEREDS”. **Animals**, v. 12, n. 20, out. 2022.

DE LA HOZ, D. M. E. *et al.* Parasitic and fungal agents in *Aoutus* sp, *Alouatta seniculus* and *Cebus albifrons* in the Colombian Caribbean. **Revista de Investigaciones Veterinarias del Peru**, v. 31, n. 4, 2020.

DE OLIVEIRA, T. F. L. *et al.* The role of pacas of captivity as a potential reservoir of zoonotic fungi in Acre, Western Amazon, Brazil. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, v. 60, 2023.

DIETRICH, M. *et al.* Biogeography of *Leptospira* in wild animal communities inhabiting the insular ecosystem of the western Indian Ocean islands and neighboring Africa. **Emerging Microbes & Infections**, v. 7, n. 1, p. 1–12, dez. 2018.

DU, H. *et al.* *Candida auris*: epidemiology, biology, antifungal resistance, and virulence. **PLOS Pathogens**, v. 16, n. 10, p. e1008921, 22 out. 2020.

DUBUIS, E.; LUCAS, D. Control of cutaneous mycosis in five chimpanzees (*Pan troglodytes*) with lufenuron. **The Veterinary Record**, v. 152, n. 21, p. 651–654, 24 maio 2003.

DUNN, J. L.; BUCK, J. D.; SPOTTE, S. Candidiasis in captive pinnipeds. **Journal of the American Veterinary Medical Association**, v. 185, n. 11, p. 1328–1330, 1 dez. 1984.

GBIF. *Candida* Berkhout, 1923 in GBIF Secretariat (2023). **GBIF Backbone Taxonomy. Checklist dataset** <https://doi.org/10.15468/39omei>.

GOATCHER, L. *et al.* A STUDY OF PREDOMINANT AEROBIC MICROFLORA OF BLACK BEARS (*URSUS-AMERICANUS*) AND GRIZZLY BEARS (*URSUS-ARCTOS*) IN NORTHWESTERN ALBERTA. **Canadian Journal of Microbiology**, v. 33, n. 11, p. 949–954, nov. 1987.

GOMES, C. **Cortes Cárneos, Rendimentos de Abate e Características de Qualidade da Carne de Paca**. Dissertação de Mestrado, Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal da Pontifícia Universidade Católica do Paraná. São José dos Pinhais, p. 96. 2010.

- GUGNANI, H. C.; DENNING, D. W. Infection of bats with *Histoplasma* species. **Medical Mycology**, v. 61, n. 8, p. myad080, 2 ago. 2023.
- GULRAIZ, T. *et al.* Microbial Analysis of Indian Flying Fox (*Pteropus giganteus*) Ejecta Collected from Two Public Parks in Lahore, Pakistan. **Pakistan Journal of Zoology**, v. 49, n. 1, p. 289–295, fev. 2017.
- HOCHBERG, N. S.; BHADLIA, N. Infections Associated with Exotic Cuisine: The Dangers of Delicacies. **Microbiology Spectrum**, v. 3, n. 5, p. 3.5.01, 4 set. 2015.
- HUBÁLEK, Z.; ROSICKÝ, B.; OTCENÁSEK, M. Fungi from interior organs of free-living small mammals in Czechoslovakia and Yugoslavia. **Folia Parasitol (Praha)**, v. 27, n. 3, p. 269–79, jan. 1980.
- KIDD, S. E.; FERRY, H.; ALIREZA, A. Fungal Nomenclature: Managing Change is the Name of the Game. **Open Forum Infectious Diseases**, 2022.
- KONJEVIĆ, D. *et al.* Canine distemper in Siberian tiger cubs from Zagreb zoo: Case report. **Acta Veterinaria Brno**, v. 80, n. 1, p. 047–050, 2011.
- KUMAMOTO, Carol A.; GRESNIGT, Mark S.; HUBE, Bernhard. The gut, the bad and the harmless: *Candida albicans* as a commensal and opportunistic pathogen in the intestine. **Current Opinion in Microbiology**, [s.l.], v. 56, p. 7-15, ago. 2020.
- LA PERLE, K. *et al.* Systemic candidiasis in a cheetah (*Acinonyx jubatus*). **Journal of Zoo and Wildlife Medicine**, v. 29, n. 4, p. 479–483, dez. 1998.
- LIANG, D. *et al.* Ophthalmic examination of the captive western lowland gorilla (*Gorilla gorilla gorilla*). **Journal of Zoo and Wildlife Medicine**, v. 36, n. 3, p. 430–433, set. 2005.
- LOPES, J. P.; LIONAKIS, M. S. Pathogenesis and virulence of *Candida albicans*. **Virulence**, v. 13, n. 1, p. 89–121, 31 dez. 2022.
- MACIAS-PAZ, I. U. *et al.* *Candida albicans* the main opportunistic pathogenic fungus in humans. **Revista Argentina de Microbiología**, v. 55, n. 2, p. 189–198, abr. 2023.
- MBA, I. E.; NWEZE, E. I. Mechanism of *Candida* pathogenesis: revisiting the vital drivers. **European Journal of Clinical Microbiology & Infectious Diseases**, v. 39, n. 10, p. 1797–1819, out. 2020.
- MERRITT, G. C. *et al.* Microflora and volatile fatty acids present in inguinal pouches of the wild rabbit, *Oryctolagus cuniculus*, in Australia. **Journal of Chemical Ecology**, v. 8, n. 9, p. 1217–1225, set. 1982.
- MORRIS, P. J. *et al.* Isolation of culturable microorganisms from free-ranging bottlenose dolphins (*Tursiops truncatus*) from the southeastern United States. **Veterinary microbiology**, v. 148, n. 2–4, p. 440–447, 24 mar. 2011.
- MOUTON, M. *et al.* YEAST INFECTION IN A BEACHED SOUTHERN RIGHT WHALE (*EUBALAENA AUSTRALIS*) NEONATE. **Journal of Wildlife Diseases**, v. 45, n. 3, p. 692–699, jul. 2009.
- NARDONI, S. *et al.* Survey on the fungal flora of the cloaca of healthy pet reptiles. **Revue de Medecine Veterinaire**, v. 159, n. 3, p. 159–165, mar. 2008.

OBENDORF, D. **CANDIDIASIS IN YOUNG HAND-REARED KANGAROOS**. *Journal of Wildlife Diseases*, v. 16, n. 1, p. 135–140, 1980.

PARAMBATH, S. *et al.* *Candida albicans* —A systematic review to inform the World Health Organization Fungal Priority Pathogens List. *Medical Mycology*, v. 62, n. 6, p. myae045, 27 jun. 2024.

PARMELAND, L. *et al.* *Candida albicans* and non- *Candida albicans* fungemia in an institutional hospital during a decade. *Medical Mycology*, v. 51, n. 1, p. 33–37, jan. 2013.

POLLOCK, C.; ROHRBACH, B.; RAMSAY, E. Fungal dermatitis in captive pinnipeds. *Journal of Zoo And Wildlife Medicine*, v. 31, n. 3, p. 374–378, set. 2000.

REAGAN, K. L. *et al.* Risk factors for *Candida* urinary tract infections in dogs and cats. *Journal of Veterinary Internal Medicine*, v. 33, n. 2, p. 648–653, mar. 2019.

RHIMI, W. *et al.* Wild Boar (*Sus scrofa*) as Reservoir of Zoonotic Yeasts: Bioindicator of Environmental Quality. *Mycopathologia*, v. 187, n. 2–3, p. 235–248, jan. 2022.

RODRIGUES, M. L.; NOSANCHUK, J. D. Fungal diseases as neglected pathogens: A wake-up call to public health officials. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, v. 14, n. 2, p. e0007964, 20 fev. 2020.

SALAMEH, J.-P. *et al.* Preferred reporting items for systematic review and meta-analysis of diagnostic test accuracy studies (PRISMA-DTA): explanation, elaboration, and checklist. *BMJ*, p. m2632, 14 ago. 2020.

SANTOS, T. R. **ESTUDO RETROSPECTIVO DA CASUÍSTICA DE ANIMAIS SILVESTRES E PETS NÃO CONVENCIONAIS ATENDIDOS NO HOSPITAL VETERINÁRIO DA UFPB ENTRE OS ANOS DE 2016 A 2020**. Trabalho de Conclusão de Curso para Bacharel em Medicina Veterinária, Universidade Federal da Paraíba, p. 44. 2022.

SHARMA, A.; AHMAD FAROUK, I.; LAL, S. K. COVID-19: A Review on the Novel Coronavirus Disease Evolution, Transmission, Detection, Control and Prevention. *Viruses*, v. 13, n. 2, p. 202, 29 jan. 2021.

SHINYA, S. *et al.* Molecular epidemiology of *Leptospira* spp. among wild mammals and a dog in Amami Oshima Island, Japan. *PLOS One*, v. 16, n. 4, p. e0249987, 22 abr. 2021.

SHOTTS, E. *et al.* **MICROFLORA ASSOCIATED WITH THE SKIN OF THE BOWHEAD WHALE (*Balaena mysticetus*)**. *Journal of Wildlife Diseases*, v. 26, n. 3, p. 351–359, jul. 1990.

SILVA, S. *et al.* *Candida glabrata*, *Candida parapsilosis* and *Candida tropicalis* : biology, epidemiology, pathogenicity and antifungal resistance. *FEMS Microbiology Reviews*, v. 36, n. 2, p. 288–305, mar. 2012.

SIQUEIRA, N. P. *et al.* Domestic Birds as Source of *Cryptococcus deuterogattii* (AFLP6/VGII): Potential Risk for Cryptococcosis. *Mycopathologia*, v. 187, n. 1, p. 103–111, fev. 2022.

SOKOLIK, S. J.; FRANKLIN-GUILD, R. J.; CHILDS-SANFORD, S. **FUNGAL FLORA OF ROSETTE QUILLS IN THE NORTH AMERICAN PORCUPINE (*Erethizon dorsatum*)** IN

THE NORTHEASTERN UNITED STATES. **J Zoo Wildl Med**, v. 55, n. 3, p. 737–742, set. 2024.

SUEPAUL, R.; CHARLES, R.; DZIVA, F. **AEROBIC MICROFLORA AND ENDOPARASITES OF FRESHLY SHOT WILD AGOUTI (*Dasyprocta leporina*) IN TRINIDAD, WEST INDIES**. **Journal of Zoo and Wildlife Medicine** v. 47, n. 4, p. 1044–1048, dez. 2016.

TAHA, M. *et al.* Genetic diversity and antifungal susceptibilities of environmental *Cryptococcus neoformans* and *Cryptococcus gattii* species complexes. **IMA Fungus**, v. 15, n. 1, p. 21, 25 jul. 2024.

TALAZADEH, F.; GHORBANPOOR, M.; SHAHRIYARI, A. Candidiasis in Birds (Galliformes, Anseriformes, Psittaciformes, Passeriformes, and Columbiformes): A Focus on Antifungal Susceptibility Pattern of *Candida albicans* and Non-albicans Isolates in Avian Clinical Specimens. **Topics in Companion Animal Medicine**, v. 46, 2022.

TORTORANO, A. M. *et al.* Candidemia: Evolution of Drug Resistance and Novel Therapeutic Approaches. **Infection and Drug Resistance**, v. Volume 14, p. 5543–5553, dez. 2021.

UGOCHUKWU, U. C. *et al.*; Heavy metal contamination of soil, sediment and water due to galena mining in Ebonyi State Nigeria: Economic costs of pollution based on exposure health risks. **Journal of Environmental Management**, v. 321, nov 2022.

WHALEY, S. G. *et al.* Azole Antifungal Resistance in *Candida albicans* and Emerging Non-albicans Candida Species. **Frontiers in Microbiology**, v. 7, 12 jan. 2017.

WILSON, F. D. *et al.* Renal candidiasis associated with papillary necrosis in a captive tiger (*Panthera tigris*). **Veterinary Medicine and Science**, v. 10, n. 4, p. e1421, jul. 2024.

ZLOTOWSKI, P. *et al.* Mixed mycotic rhinitis and pneumonia in wild boars. **Acta Scientiae Veterinariae**, v. 39, n. 4, 2011.

## 5. CAPÍTULO II

### OCORRÊNCIA E DIVERSIDADE DE *Candida* spp. ISOLADAS DE CATETOS (*Pecari tajacu* Linnaeus, 1758) MANTIDOS *ex situ*

Bianca de Carvalho Sousa<sup>1</sup>; Clara Cecília Azevedo Santana<sup>1</sup>; Márcio Leonardo de Moraes Nobre<sup>2</sup>; Felipe Araújo de Alcântara Oliveira<sup>3,4</sup>; Antônio Lima Braga<sup>5</sup>; Lilian Silva Catenacci<sup>1,3,6</sup>; Maria José dos Santos Soares<sup>1,3</sup>; André Luis Souza dos Santos<sup>5</sup>; Raizza Eveline Escórcio Pinheiro<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Tecnologias Aplicadas a Animais de Interesse Regional – PPGTAIR/UFPI;

<sup>2</sup>Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Maranhão – IFMA/Campus Caxias;

<sup>3</sup>Departamento de Morfofisiologia Veterinária – DMV/CCA/UFPI;

<sup>4</sup>Programa de Pós-Graduação em Ciências Farmacêuticas – PPGCF/UFPI

<sup>5</sup>Programa de Pós-Graduação em Ciências (Microbiologia) – PPG-MICRO/UFRJ

<sup>6</sup>Programa de Pós-Graduação em Saúde Animal da Amazônia – PPGSAAM/UFPA/Campus Castanhal.

**RESUMO:** Este estudo representa o primeiro levantamento da micobiota de catetos (*Pecari tajacu*) e o primeiro registro de *Candida africana* em um animal silvestre. Swabs orais, retais e vaginais foram coletados de 33 catetos mantidos em um criadouro da Universidade Federal do Piauí. Ao todo, foram identificadas 126 cepas de leveduras pertencentes ao gênero *Candida* cuja identificação foi realizada por meio de ágar cromogênico, MALDI-TOF e sequenciamento genético, garantindo alta precisão nos resultados. Diferentemente de outros estudos não foi identificada nenhuma cepa de *C. albicans*, sendo que a espécie predominante foi *Candida tropicalis* (76,98%), seguida por *Candida africana* (5,55%), *Candida krusei* (4,76%), *Candida parapsilosis* (1,58%) e *Candida glabrata* (1,58%). Este estudo amplia o conhecimento sobre a diversidade fúngica em animais silvestres e destaca a relevância de monitorar a micobiota desses hospedeiros para compreender possíveis zoonoses ou interações ecológicas.

**Palavras-chaves:** micologia; saúde única; fauna silvestre.

## INTRODUÇÃO

A crescente relevância dos estudos sobre microbiotas de animais silvestres reflete sua importância para a compreensão de interações ecológicas, saúde animal e possíveis conexões com a saúde humana (MA *et al.*, 2023). No entanto, enquanto a microbiota bacteriana tem recebido maior atenção, o estudo da microbiota fúngica permanece limitado, apesar de seu impacto potencial em diversas espécies hospedeiras. As leveduras do gênero *Candida* destacam-se nesse contexto devido à sua capacidade de atuar como comensais, agentes oportunistas e, em alguns casos, patógenos importantes.

O gênero *Candida* engloba uma diversidade de espécies, muitas delas associadas a quadros clínicos em humanos, incluindo infecções mucocutâneas e sistêmicas (LOPES; LIONAKIS, 2022). Contudo, estudos que avaliam a presença e a diversidade de *Candida* em hospedeiros silvestres são escassos, o que dificulta a avaliação de possíveis mecanismos zoonóticos ou antropozoonóticos de transmissão. Além disso, a identificação de espécies de *Candida* em amostras ambientais ou clínicas nem sempre é trivial devido a características fenotípicas compartilhadas entre espécies crípticas, como ocorre entre *Candida albicans*, *Candida africana* e *Candida dubliniensis* (ROMEO; CRISEO, 2011). Esse desafio ressalta a importância de metodologias precisas e integradas para estudos microbiológicos.

A identificação de leveduras pode ser aprimorada por meio do uso de métodos complementares. O Ágar *Candida* Cromogênico, frequentemente utilizado para triagem inicial, permite distinguir espécies com base na coloração das colônias (SIVAKUMAR *et al.*, 2009). No entanto, limitações na especificidade desse método exigem a aplicação de técnicas adicionais, como a espectrometria de massa por ionização e dessorção a laser assistida por matriz e tempo de voo (MALDI-TOF; Matrix Assisted Laser Desorption/Ionization -Time-of-Flight) que oferece alta acurácia e rapidez (CROXATTO; PROD'HOM; GREUB, 2012). Quando se busca maior precisão, especialmente em casos de espécies crípticas ou raras, o sequenciamento de regiões específicas do DNA fúngico, como o ITS (*internal transcribed spacer*), emerge como padrão-ouro para a identificação taxonômica (BUEHLER *et al.*, 2017; DORADO *et al.*, 2021). A combinação dessas abordagens proporciona uma análise mais robusta da diversidade fúngica.

Os catetos (*Pecari tajacu*) são mamíferos suiformes amplamente distribuídos pelas Américas e conhecidos por sua alta adaptabilidade a diferentes ecossistemas, incluindo áreas antropizadas (DESBIEZ, 2012; MARINHO; DA SILVA; LISBOA, 2019). Apesar de sua relevância ecológica e econômica, com papel fundamental na dispersão de sementes e como

fonte de subsistência para comunidades tradicionais, o estudo de sua microbiota fúngica é praticamente inexistente.

Nesse sentido, o presente trabalho foi elaborado com a finalidade de explorar a microbiota fúngica de catetos e identificar as espécies de *Candida* que habitam esses animais,

## MATERIAL E MÉTODOS

### Aspectos éticos da pesquisa

O presente trabalho foi aprovado pela Comissão de Ética no Uso de Animais (CEUA/UFPI), da Universidade Federal do Piauí, sob o registro N° 680/21 e pelo Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade/Sistema de Autorização e Informação em Biodiversidade (ICMBio/SISBIO – Registro N° 78643-1).

### Local da pesquisa

Os animais utilizados neste trabalho pertencem ao Núcleo de Estudos e Pesquisas em Animais Silvestres (NEPPAS) da Universidade Federal do Piauí (UFPI), localizado sob as coordenadas Latitude -5.047580863144644, Longitude -42.777607095671385, na cidade de Teresina, estado do Piauí (Figura 6).

Figura 6: Visualização pelo Google Maps do Núcleo de Estudos e Pesquisas em Animais Silvestres - NEPAS



### **Contenção dos animais e coleta dos espécimes clínicos**

As amostras foram coletadas durante os procedimentos de intervenção para vermifugação e rotina clínica dos catetos para posterior soltura em zonas de mata livre. Um total de 33 animais, composto 17 fêmeas e 16 machos, sendo 16 adultos e 17 juvenis (até 1 ano de idade), escolhidos ao acaso, foram conduzidos até a zona de cambeamento, com o objetivo de reduzir a área para a devida contenção física, realizada com o auxílio de puçá e luvas raspa de couro. Após a contenção física, os animais foram anestesiados por administração via intramuscular através da associação entre xilazina (2,3 mg/kg), cetamina (1,16 mg/kg) e diazepam (0,5 mg/kg) como recomendado por Batista *et al.* (2009), para facilitar o manejo dos animais e a coleta dos espécimes clínicos, objetivando reduzir os parâmetros indicadores de estresse.

Os catetos foram monitorados durante toda a tranquilização química, sendo aferidos a cada 10 minutos os parâmetros de temperatura retal, frequência cardíaca, frequência respiratória, reflexos de propriocepção e dor, período de latência e período hábil da recuperação anestésica. Após a recuperação, os animais foram devolvidos para as baias de origem. Todos os procedimentos realizados nos animais foram supervisionados e acompanhados pelo responsável técnico do plantel, bem como também obedeceram a normas escritas de bem-estar animal e os princípios éticos, estabelecido pela Lei nº 11.794, de 2008 (BRASIL, 2008).

Com os animais devidamente contidos, um *swab* estéril individual e previamente umedecido em solução salina estéril, foi introduzido em cada nicho avaliado (oral, retal e vaginal) de cada animal. Todos os *swabs* com finalidade de cultivo microbiológico foram depositados em tubos de ensaio contendo Caldo Sabouraud e levados ao laboratório, onde foram incubados por 48 horas em estufa a  $35^{\circ}\text{C} \pm 2^{\circ}$  para posterior isolamento microbiano.

### **Isolamento e identificação presuntiva de leveduras do gênero *Candida***

Decorrido o tempo de incubação acima descrito, com o auxílio de uma alça microbiológica, uma alíquota de 10 µL foi retirada do Caldo Sabouraud e semeada em placas de Petri contendo Ágar *Candida* Cromogênico (TM Media®) utilizando a técnica de esgotamento. As placas foram incubadas em estufa a 35°C ± 2° durante 48 horas. Decorrido este tempo, cada placa foi analisada minuciosamente de forma que cada colônia diferente fosse caracterizada conforme sua apresentação no ágar cromogênico. Seguindo as recomendações do fabricante do Ágar *Candida* Cromogênico (TM Media®), as colônias foram identificadas de acordo com as seguintes características: *Candida albicans* – verde claro; *Candida tropicalis* – azul/roxo; *Candida krusei* – roxo “felpudo”; *Candida glabrata* – creme/branco.

Em seguida, cada colônia identificada presuntivamente foi transferida para tubos de ensaio inclinados contendo Ágar Sabouraud, com a finalidade de obter massa celular para a preparação de lâminas para visualização microscópicas, preparação de estoque e extração de DNA, para posterior identificação por métodos moleculares.

### **Identificação por Espectrometria de massa (MALDI-TOF)**

As cepas isoladas foram encaminhadas ao Laboratório de Investigação em Microbiologia Médica, do Instituto de Microbiologia Paulo de Góes, no Centro de Ciências da Saúde, da Universidade Federal do Rio de Janeiro, para a identificação das espécies por meio do método de espectrometria de massa, utilizando a técnica de ionização e dessorção a laser assistida por matriz e tempo de voo (MALDI-TOF).

### **Identificação dos isolados fúngicos por métodos moleculares**

#### **Extração de DNA**

Para a realização da extração do DNA genômico, 3 alçadas das massas celulares obtidas conforme descrito previamente, foram depositadas em microtubos estéreis 1,5mL estéreis, acrescidos de 100 µL de água livre de DNA. Esses microtubos foram submetidos a banho seco 100°C durante 10 minutos e imediatamente, após o aquecimento, foram armazenados em freezer -70°C por 10 minutos. Decorrido este período, as amostras foram centrifugadas por 15 minutos a 14.000 rpm. Por fim, os sobrenadantes foram colhidos e depositados em novos microtubos estéreis e estocados a -20°C. As amostras foram quantificadas

utilizando espectrofotômetro NanoDrop 2000 e avaliadas a concentração de DNA final, onde valores acima de 50 ng/ $\mu$ L foram considerados para PCR.

### **Amplificação do gene ITS1-ITS4 e sequenciamento**

A confirmação do gênero *Candida* foi realizada através da técnica da reação em cadeia da polimerase (PCR). As reações foram preparadas em um volume final de 25  $\mu$ L, constituído da seguinte maneira: 2,5  $\mu$ L de tampão de reação 10x (Ludwig Biotecnologia), 0,75  $\mu$ L de 50 mM de cloreto de magnésio ( $MgCl_2$ ), 0,5  $\mu$ L de 10 mM de desoxiribonucleotídeo (DNTp), 0,35  $\mu$ L de Taq DNA Polimerase (Ludwig Biotecnologia), 0,5  $\mu$ L de 10 pmol de cada oligonucleotídeo, 2,0  $\mu$ L de DNA e 17,95  $\mu$ L de água estéril para completar o volume.

Os primers utilizados foram ITS-1 (5' CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA 3') e ITS-4 (5' TCCTCCGCTTATTGATATGC 3') (WHITE *et al.*, 1990). A programação do termociclador foi executada da seguinte maneira: 1º ciclo, pré-desnaturação a 95°C por 5 minutos; 2º ciclo, desnaturação a 95°C por 30 segundos; 3º ciclo, anelamento a 50°C por 30 segundos; 4º ciclo, extensão a 72°C por 1 minuto e por fim o 5º ciclo, extensão final a 72°C por 7 minutos, sendo realizadas 30 repetições nos ciclos 2, 3 e 4.

As cepas de controle utilizadas foram *Candida albicans* ATCC 24433, *Candida tropicalis* ATCC 750, e a cepa de origem infecciosa *Candida glabrata* pertencente a micoteca do Laboratório de Microbiologia Veterinária.

Os produtos amplificados foram submetidos a eletroforese em gel de agarose a 2,0%, preparado em Tampão SB (Borato de Sódio 1 mM pH 8,0) por 40 minutos a 250 volts. O marcador de tamanho de fragmento de DNA de 100 pb (Ludwing) foi utilizado para avaliar as condições de corrida e auxiliar na identificação do tamanho dos fragmentos gênicos amplificados.

Posteriormente, os produtos da PCR foram purificados utilizando kit de purificação Wizard® SV Gel and PCR Clean-Up System (PROMEGA) como recomendado pelo fabricante. Em seguida, foram encaminhadas ao Laboratório de Microbiologia da UFRRJ, onde foram analisados utilizando o fluorômetro Qubit, sendo posteriormente encaminhadas para o sequenciamento da região ITS4 pelo método de Sanger, na Plataforma de Sequenciamento de DNA (PSEQDNA) no Instituto de Biofísica Carlos Chagas Filho (IBCCF), Centro de Ciências da Saúde da Universidade Federal do Rio de Janeiro.

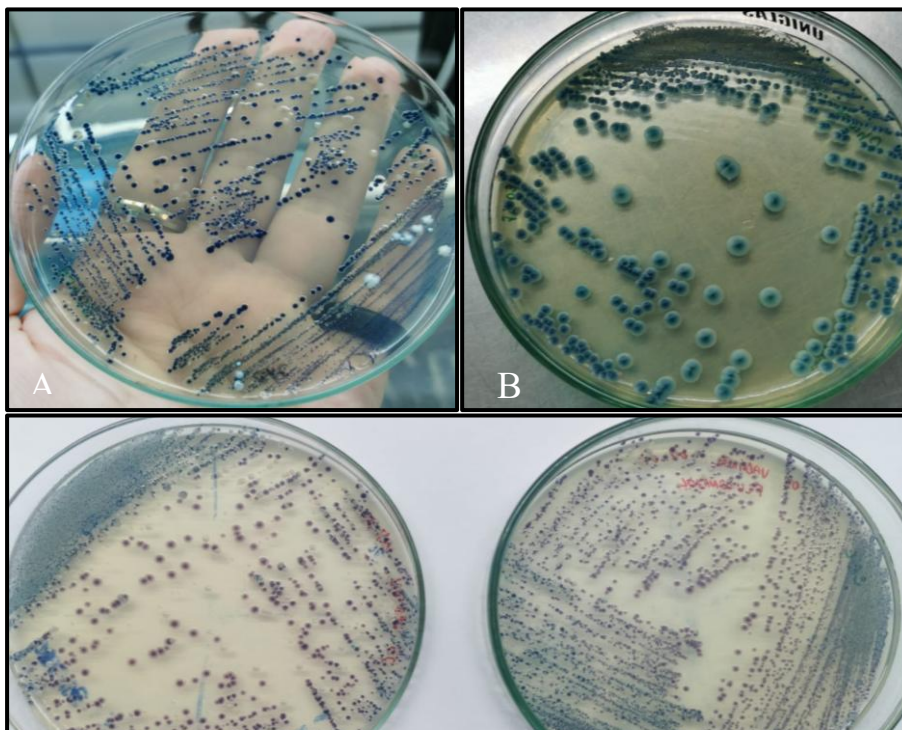
## **RESULTADOS E DISCUSSÃO**

Um total de 204 cepas foram isoladas dos catetos de forma presuntiva utilizando Ágar *Candida* Cromogênico (figura 7). O uso deste meio de cultura seletivo e diferencial contribuiu para a identificação preliminar de potenciais isolados de *Candida*, com base na coloração das colônias. Embora tenham sido observadas divergências entre as instruções do meio de cultura e a coloração das colônias obtidas nas placas semeadas, essas variações não comprometeram a eficiência do meio em oferecer uma triagem inicial eficiente. Contudo, houve dificuldades em confirmar a identificação das espécies, devido as características apresentadas dos isolados. Para categorizar as cepas, as cores observadas foram descritas de maneira mais próxima das orientações fornecidas pelo fabricante.

De um modo geral, em relação aos sítios, foram isoladas 50,49% (103/204) colônias no sítio oral, 31,37% (64/204) colônias no sítio anal e 18,13% (37/126) colônias no sítio vaginal. Estas colônias foram classificadas da seguinte forma: 48,08% (98/204) colônias azuis (*C. tropicalis*), 25,98% (53/204) colônias roxas/lilás, 14,70% (30/204) colônias creme/branca (*C. glabrata*), 6,86% (14/204) colônias rosas, e 4,41% (9/204) colônias verdes (*C. albicans*).

Os meios de cultura cromogênicos desempenham um papel crucial, permitindo um isolamento presuntivo e ágil. Essa abordagem é particularmente importante na rotina clínica, especialmente para pacientes com infecções complicadas, caracterizadas por alta morbidade e mortalidade (BORMAN; FRASER; JOHNSON, 2021; EVREN *et al.*, 2022), que demandam terapia adequada no menor tempo possível. Além disso, esses meios possibilitam a identificação de colônias mistas, o que é especialmente relevante para amostras provenientes de sítios comensais, como boca e intestino.

Figura 7 – Colônias de *Candida* spp. obtidas utilizando Ágar *Candida* Cromogênico



Legenda: (A) Colônias obtidas do sítio oral de animal jovem (ID B05); (B) Colônias sugestivas de *C. tropicalis*, isoladas do ânus de animal juvenil (ID B07A01); (C) Colônias obtidas da vagina de animal juvenil (ID B03).

Das 204 cepas inicialmente isoladas, 20 não foram recuperadas após a etapa de estocagem, restando 184 para as próximas análises. Após a identificação efetuada pelo MALDI-TOF, 35 isolados foram excluídos do estudo por não pertencerem ao gênero *Candida*, enquanto 23 apresentaram inviabilidade durante as etapas de análise, reduzindo o número final para 126 amostras disponíveis para o sequenciamento. Os quadros 3, 4 e 5 dispõem os dados das cepas avaliadas pelas três metodologias e categorizadas por sítio.

Quadro 3 – Cepas de *Candida* spp. isoladas do sítio oral de catetos e identificadas por diferentes métodos

ID CEPA	Ágar <i>Candida</i> Cromogênico (TM-MEDIA)	MALDI-TOF	SEQUENCIAMENTO	% IDENTIFICAÇÃO
A01O01	Roxa felpudo	<i>C. parapsilosis</i>	<i>C. parapsilosis</i>	99,79%
A01O03	Branca	<i>C. parapsilosis</i>	<i>C. parapsilosis</i>	99,98%
A01OF04	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	86,18%
A02O01	Azul	<i>C. albicans</i>	<i>C. africana</i>	99,34%
A02O08	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	98,60%
A02OF03	Verde	<i>C. albicans</i>	<i>Hyphopichia burtonii</i>	98,55%
A06O01	Creme	<i>C. glabrata</i>	<i>C. glabrata</i>	99,71%
A06O02	Roxa felpudo	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	73,07%
A07O01	Roxa	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	85,65%
A07O02	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	98,06%
A07O03	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	90,52%
A07O04	Roxa felpudo	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,78%
A08O01	Roxa felpudo	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	95,91%
A08O02	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	98,59%
A09O01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	98,88%
A09O02	Roxa felpudo	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	74,77%
A09O03	Branca	<sup>1</sup>	<i>C. krusei</i>	99,33%

A10O01	Roxa felpudo	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,14%
A10O02	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,78%
A11O01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,78%
A11O03	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	81,72%
A12O01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,14%
A12O04	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	90,93%
A13O01	Roxa felpudo	<i>C. krusei</i>	<i>C. krusei</i>	98,54%
A13O02	Roxa felpudo	<i>C. krusei</i>	<i>C. krusei</i>	99,32%
A13O03	Roxa felpudo	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	97,19%
A13O04	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	95,44%
A13O05	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,14%
A14O03	Roxa felpudo	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	84,73%
A14O04	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	73,77%
A15O02	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,35%
A15O04	Branca	<i>C. tropicalis</i>	<sup>2</sup>	-
A16O04	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,31%
B01O02	Branca	<i>C. tropicalis</i>	<sup>2</sup>	-
B01O03	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>Trichosporon asahii</i>	99,60%
B01O04	Branca	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	88,25%
B01O05	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	83,76%
B02O02	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>Trichosporon asahii</i>	99,20%
B02OF01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,57%
B02OF03	Roxa felpudo	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,57%
B03O01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	82,86%
B03OF01	Creme	<i>C. albicans</i>	<i>C. tropicalis</i>	84,42%
B03OF02	Branca	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. africana</i>	98,98%
B05O01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>Trichosporon asahii</i>	99,40%
B06O01	Azul	<i>C. albicans</i>	<i>C. tropicalis</i>	78,65%
B06O02	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	82,76%
B08O01	Verde	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. africana</i>	98,57%
B08O03	Roxa felpudo	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	83,44%
B08OF01	Roxa felpudo	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,35%
B09O01	Roxa felpudo	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,14%
B09O02	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	84,56%
B09O04	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	83,57%
B09OF02	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. africana</i>	99,19%
B09OF03	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	83,02%
B10O01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,79%
B11O01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	77,06%

B14O02	Azul	<i>C. albicans</i>	<i>C. africana</i>	98,98%
B16O01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,30%
B16O02	Azul	<i>C. albicans</i>	<i>C. africana</i>	99,39%
B16O03	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	98,92%
B17O03	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	88,39%

Legenda: Cepas com letra inicial A pertencem aos adultos; letra inicial B pertencem aos animais juvenis. As cores da colônia sugerem as seguintes espécies: azul/roxo – *C. tropicalis*; roxo felpudo – *C. krusei*; verde – *C. albicans* e creme/branca – *C. glabrata*. <sup>1</sup> Dados não disponíveis. <sup>2</sup> Quantidade de DNA insuficiente para sequenciamento.

Quadro 4 – Cepas de *Candida* spp. isoladas do sítio anal de catetos e identificadas por diferentes métodos

ID CEPA	COLÔNIA	MALDI-TOF	SEQUENCIAMENTO	% IDENTIFICAÇÃO
A02A01	Branca	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,78%
A02A03	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>Trichosporon asahii</i>	99,58%
A04A01	Roxa	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,14%
A05A01	Azul	<sup>1</sup>	<i>C. tropicalis</i>	99,14%
A05A02	Roxa	<sup>1</sup>	<i>C. tropicalis</i>	91,38%
A06A01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	77,46%
A07A01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	98,68%
A07A02	Roxa	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	79,10%
A07A03	Branca	<sup>1</sup>	<i>Saccharomyces mikatae</i>	93,36%
A08A01	Azul	<sup>1</sup>	<i>C. tropicalis</i>	99,57%
A08A02	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,14%
A08A03	Branca	<i>C. glabrata</i>	<i>C. glabrata</i>	99,55%
A09A01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,14%
A09A02	Roxa	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	72,78%
A09A03	Branca	<i>C. tropicalis</i>	<i>Saccharomyces mikatae</i>	97,63%
A12A01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,14%
A12A03	Roxa	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	98,84%
A14A01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	98,92%
A14A03	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	89,85%
A15A01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,33%
A15A03	Branco	<i>C. krusei</i>	<i>C. krusei</i>	99,33%
A15A04	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	79,03%
A16A01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<sup>2</sup>	-
A16A05	Verde	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,32%
B04A01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	81,20%
B04A03	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,78%

B05A01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	84,98%
B05A02	Verde	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	86,38%
B06A02	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	79,63%
B06A03	Verde	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	79,06%
B07A01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	82,39%
B09A01	Roxa felpudo	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	87,20%
B10A01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	80,78%
B12A01	Roxa	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	75,39%
B13A01	Roxa felpudo	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	84,09%
B13A02	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	90,09%
B14A01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	76,82%
B14A03	Roxa	<i>C. krusei</i>	<i>C. krusei</i>	97,34%
B14AF01	Roxa	<i>C. krusei</i>	<i>C. krusei</i>	98,88%
B14AF04	Branca	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	84,03%
B15A01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	81,41%
B16A02	Roxa felpudo	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	93,33%
B17A02	Roxa felpudo	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	90,30%

Legenda: Cepas com letra inicial A pertencem aos adultos; letra inicial B pertencem aos animais juvenis. As cores da colônia sugerem as seguintes espécies: azul/roxo – *C. tropicalis*; roxo felpudo – *C. krusei*; verde – *C. albicans* e creme/branca – *C. glabrata*. <sup>1</sup> Dados não disponíveis. <sup>2</sup> Quantidade de DNA insuficiente para sequenciamento.

Quadro 5 – Cepas de *Candida* spp. isoladas do sítio vaginal de catetos e identificadas por diferentes métodos

ID CEPA	COLÔNIA	MALDI-TOF	SEQUENCIAMENTO	% IDENTIFICAÇÃO
A02V01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	90,28%
A07V01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,14%
A07V02	Roxo felpudo	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	84,75%
A10V01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	100,00%
A14V01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	100%
A16V01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	87,69%
A16V03	Roxa/violeta	<sup>1</sup>	<sup>2</sup>	-
A16V04	Cinza	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	99,57%
B01V01	Branca	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	97,41%
B01V03	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>Trichosporon asahii</i>	99,20%
B03V01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	84,65%
B03V02	Verde	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	84,36%
B07V02	Azul	<i>C. albicans</i>	<i>C. africana</i>	99,39%

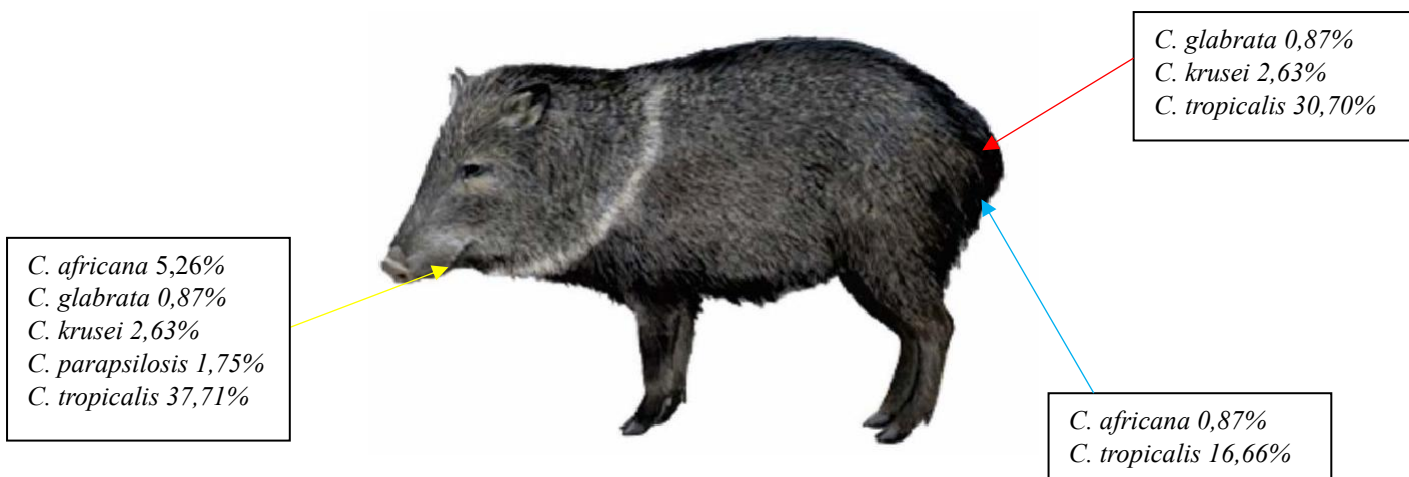
B11V01	Roxo	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	81,78%
B11V02	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	80,75%
B12V01	Roxo felpudo	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	93,98%
B12V02	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	90,14%
B12V03	Roxo felpudo	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	79,21%
B12VF01	Roxo felpudo	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	84,07%
B12VF02	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	89,46%
B13V01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	83,18%
B13VF01	Azul	<i>C. tropicalis</i>	<i>C. tropicalis</i>	92,44%

Legenda: Cepas com letra inicial A pertencem aos adultos; letra inicial B pertencem aos animais juvenis. As cores da colônia sugerem as seguintes espécies: azul/roxo – *C. tropicalis*; roxo felpudo – *C. krusei*; verde – *C. albicans* e creme/branca – *C. glabrata*. <sup>1</sup> Dados não disponíveis. <sup>2</sup> Quantidade de DNA insuficiente para sequenciamento.

Em relação as espécies identificadas pelo MALDI-TOF, foram obtidas as seguintes frequências: *C. tropicalis* 82,53% (104/126), *C. albicans* 5,5% (7/126), *C. krusei* 3,96% (5/126), *C. glabrata* 1,58% (2/126), 1,58% (2/126) *C. parapsilosis* e 4,76% (6/126) das cepas que não puderam ser identificadas pelo método.

No sequenciamento, 76,98% (97/126) espécies foram identificadas como sendo *C. tropicalis*, 5,55% (7/126) *C. africana*, 4,76% (6/126) *C. krusei*, 3,96% (5/126) *Trichosporon asahii*, 1,58% (2/126) *C. parapsilosis*, 1,58% (2/126) *C. glabrata*, 1,58% (2/126) *Saccharomyces mikata* e 0,79% (1/126) *Hyphopichia burtonii*. Em relação a origem dos isolados, 48,41% (61/126) pertenciam ao sítio oral, 34,12% (43/126) ao sítio anal e 17,46% (22/126) ao sítio vaginal, conforme ilustrado na figura 8.

Figura 8: Cepas de *Candida* spp. isoladas nos sítios oral, anal e vaginal de cateto.



Neste estudo, a correspondência entre os métodos de identificação por MALDI-TOF e sequenciamento foi de 84,6% (99 amostras), enquanto 15,4% (18 amostras) apresentaram divergências. Dentre as discrepâncias, destaca-se que o MALDI-TOF identificou *C. tropicalis* em 5 casos nos quais o sequenciamento apontou *Trichosporon asahii* (27,8% das divergências). Além disso, *C. albicans* foi identificada pelo MALDI-TOF em 4 amostras onde o sequenciamento indicou *C. africana* (22,2%), e *C. tropicalis* foi apontada como *C. africana* em 3 casos (16,7%). Duas amostras identificadas como *Hypopichia burtonii* e *Saccharomyces mikatae* foram verificadas como *C. albicans* e *C. tropicalis*, respectivamente, através do sequenciamento.

Os resultados estão parcialmente alinhados aos achados de Calderón-Hernández, Castro-Bonilla e Cob-Delgado (2024), que utilizaram o sistema VITEK e MALDI-TOF para identificar 24 cepas de *Candida* oriundas de processos infecciosos em animais domésticos e silvestres, encontrando divergências em 3 amostras (12,5%): *C. tropicalis* – *Cutaneotrichosporon jirovecii*, *Candida ciferri* – *Meyerozyma guilliermondii* e *Candida famata* – *Debaryomyces nepalensis*. Isso reforça que as discrepâncias entre métodos podem ser atribuídas às diferenças na base de dados utilizada, às limitações metodológicas ou à diversidade genética entre os isolados.

Em todos os sítios, *C. tropicalis* foi a espécie mais isolada como ilustra a figura 8. A presença desta espécie como constituinte da microbiota de animais silvestres já foi observada em jabutis (PESSOA, 2009), golfinhos (TAKAHASHI *et al.*, 2010), gorilas (HAMAD *et al.*, 2014), ursos polares (VECHERSKII *et al.*, 2023), aves silvestres e parcialmente sinantrópicas (GLUSHAKOVA; KACHALKIN, 2023). Além de colonizar animais silvestres, também já foi associada a infecções em animais domésticos, como infecções urinárias em cães e gatos (REAGAN *et al.*, 2019), otite externa em cão (BÖHM *et al.*, 2020) e doenças gastrointestinais em porcas (ZHAI *et al.*, 2021). Esses dados indicam que a ocorrência de *C. tropicalis* pode depender da espécie animal hospedeira e das condições ambientais em que vivem, incluindo fatores como proximidade com humanos, o que reforça a possibilidade de transmissão zoonótica, uma vez que os relatos desta espécie a associam como sendo predominantemente de origem humana (KEIGHLEY *et al.*, 2024)

A identificação de sete colônias identificadas como *Candida africana* isoladas de *Pecari tajacu*, neste estudo, é um achado inédito, pois, até o momento, essa espécie nunca havia sido relatada em animais, estando todos os trabalhos existentes limitados a infecções humanas.

*C. africana* foi originalmente descrita como um patógeno vaginal isolado de mulheres na África, sendo mais comumente encontrada nessa região e no Oriente Médio (JONANI *et al.*, 2024). Por compartilhar características fenotípicas com *C. albicans*, especialmente a positividade na prova do tubo germinativo, *C. africana* é frequentemente confundida com essa espécie. Contudo, uma característica importante que a diferencia é a incapacidade de produzir clamidósporos (KUMAR *et al.*, 2022). A detecção de *C. africana* em um hospedeiro silvestre, no Brasil, sugere uma possível ampliação de seu nicho ecológico ou uma interação zoonótica ou antropozoonótica ainda não esclarecida. Esses resultados reforçam que a composição da microbiota fúngica varia de acordo com a espécie animal e as condições ambientais, mas também levantam questões importantes sobre a capacidade adaptativa e a distribuição geográfica de *C. africana*. Estudos adicionais são necessários para compreender o papel dessa espécie na microbiota de animais, além de sua relevância como possível patógeno em diferentes contextos ecológicos.

No presente estudo, foram isoladas duas colônias de *Candida parapsilosis* no sítio oral de um único animal. Brito Devoto *et al.*, (2022) identificaram *C. parapsilosis* em 66,7% (2/3) das amostras orais de elefante-marinho (*Mirounga leonina*) e em 20% (2/10) das amostras nasais de foca-de-Weddell (*Leptonychotes weddellii*), em pesquisas sobre a diversidade fúngica em pinguins e pinípedes. Rhimi *et al.*, (2022) relataram a presença de *Candida metapsilosis* em apenas 3,3% (12/368) dos isolados obtidos de fezes de javalis (*Sus scrofa*). Em contrapartida, Glushakova e Kachalkin, (2023) observaram uma prevalência mais alta, com 66,25% (106/160) dos isolados de *C. parapsilosis* provenientes de fezes de seis espécies de passeriformes. Colombo *et al.*, (2024) também relataram a presença de *C. parapsilosis* e *C. orthopsilosis* como as espécies mais prevalentes entre os 16 isolados retais e 15 isolados de swabs de narinas em peixes-boi-da-amazônia (*Trichechus inunguis*), utilizando MALDI-TOF e sequenciamento para identificação.

O complexo *C. parapsilosis* é composto por três espécies: *C. parapsilosis*, *C. orthopsilosis* e *C. metapsilosis*, que são indistinguíveis por características macroscópicas e microscópicas, sendo as duas últimas menos frequentemente isoladas em amostras clínicas (CORDEIRO *et al.*, 2017). Apesar de sua importância clínica em humanos, onde a candidemia é a manifestação mais diagnosticada e com crescente resistência aos azóis, nos últimos anos (GOVRINS; LASS-FLÖRL, 2024), ainda há uma lacuna significativa no conhecimento sobre a ecologia e o impacto de *C. parapsilosis* em animais.

Nos poucos relatos dos casos disponíveis, *C. parapsilosis* já foi isolada de uma calopsita com hiperqueratose (KANO *et al.*, 2001), de gatos com rinite granulomatosa (LAMM

*et al.*, 2013), de um peixe de água profunda (*Liparis ochotensis*) com candidíase sistêmica (HARIDY *et al.*, 2018) e de um cão com lesão cutânea (SKELDON *et al.*, 2020). Esses achados sugerem que o complexo *C. parapsilosis* possui uma ampla capacidade de colonizar diferentes hospedeiros, embora sua prevalência em animais varie amplamente de acordo com o nicho ecológico e as condições ambientais. Ainda assim, a escassez de estudos na área, limita a compreensão de seu real papel na microbiota e em infecções de espécies não humanas, destacando a necessidade de novas investigações.

Nas colônias obtidas dos sítios anatômicos dos catetos, foram isoladas 4,76% (6/126) de *Candida krusei* e 1,58% (2/126) de *Candida glabrata*. Esses resultados são comparáveis aos encontrados por RHIMI *et al.*, (2022), que relataram 15,2% (56/368) de isolados identificados como *C. krusei*. Já Azarvandi *et al.*, (2017), ao estudar o trato reprodutor de éguas saudáveis, identificaram 43,1% (184/427) das colônias como *C. krusei* e apenas 0,4% (2/427) como *C. glabrata*, sugerindo uma prevalência significativamente maior de *C. krusei* nesse nicho específico. Al-Yasiri *et al.* (2017) em suas pesquisas micológicas com excretas de gaivotas-de-patas-amarelas (*Larus michahellis*), também observaram uma alta frequência de *C. krusei* (23,72%; 65/274), além de *C. glabrata* (19,70%; 54/274), indicando que ambas as espécies podem ser comuns em ambientes associados a aves silvestres. Entretanto, *C. glabrata* foi raramente relatada em outros animais, como no estudo de González-Hein, González e Díaz (2010) que identificaram uma única colônia dessa espécie na cloaca de um periquito-de-bico-fino (*Enicognathus leptorhynchus*). Esses achados sugerem que a prevalência de *C. krusei* e *C. glabrata* pode variar amplamente entre espécies hospedeiras e nichos ecológicos, reforçando a importância de estudos adicionais para compreender sua distribuição e relevância clínica em diferentes contextos.

A diversidade de espécies de *Candida* vai depender da espécie animal e das condições em que habitam. Fatores como a dieta, o ambiente, o estado imunológico do hospedeiro e a proximidade com humanos ou outros animais domésticos desempenham papéis fundamentais na composição da microbiota fúngica. Além disso, a escassez de estudos em animais silvestres e a limitada caracterização dessas leveduras nesses hospedeiros reforçam a necessidade de investigações adicionais para compreender as condições que influenciam a colonização e a ocorrência de infecções. A inclusão de métodos moleculares e análises aprofundadas das condições ecológicas pode contribuir para desvendar as relações entre as leveduras e seus hospedeiros. Esses achados são fundamentais não apenas para ampliar o conhecimento sobre a ecologia das espécies de *Candida*, mas também para avaliar potenciais riscos zoonóticos, especialmente diante do aumento de cepas resistentes a antifúngicos em humanos.

## CONCLUSÃO

Este estudo apresenta a primeira análise conhecida da microbiota fúngica de catetos (*Pecari tajacu*), utilizando uma abordagem integrada que combinou ágar cromogênico, MALDI-TOF e sequenciamento de DNA. Nossos resultados destacaram a presença de espécies do gênero *Candida*, incluindo algumas de relevância médica como *C. tropicalis*, *C. parapsilosis* e espécies raras como *C. africana*.

## REFERÊNCIAS

- AL-YASIRI, M. *et al.* Gut yeast communities in *Larus michahellis* from various breeding colonies. **Medical Mycology**, v. 55, n. 4, p. 436–444, jun. 2017.
- AZARVANDI, A. *et al.* Presence and distribution of yeasts in the reproductive tract in healthy female horses. **Equine Veterinary Journal**, v. 49, n. 5, p. 614–617, set. 2017.
- BATISTA, J. S. *et al.* Efeitos da contenção física e química sobre os parâmetros indicadores de estresse em catetos (*Tayassu jatacu*). **Acta Veterinaria Brasilica**, v. 3, n. 2, p. 92-97, 2009.
- BÖHM, T. M. S. A. *et al.* Recurrent polyp formation with *Candida tropicalis* infection and otitis in a dog. **Tierärztliche Praxis Ausgabe K: Kleintiere - Heimtiere**, v. 48, n. 5, p. 365–368, 2020.
- BORMAN, A. M.; FRASER, M.; JOHNSON, E. M. CHROMagar™ *Candida* Plus: A novel chromogenic agar that permits the rapid identification of *Candida auris*. **Medical Mycology**, v. 59, n. 3, p. 253–258, 4 mar. 2021.
- BRASIL. **Lei nº 11.794**, de 8 de outubro de 2008. Estabelece procedimentos para o uso científico de animais e dá outras providências.
- BRITO DEVOTO, T. *et al.* Exploring fungal diversity in Antarctic wildlife: isolation and molecular identification of culturable fungi from penguins and pinnipeds. **New Zealand Veterinary Journal**, v. 70, n. 5, p. 263–272, 2022.
- BUEHLER, A. J. *et al.* Internal transcribed spacer (ITS) sequencing reveals considerable fungal diversity in dairy products. **Journal of Dairy Science**, v. 100, n. 11, p. 8814–8825, nov. 2017.

COLOMBO, S. A. *et al.* Characterization of The Fungal Microbiota in the nostrils and rectum of Amazonian Manatees (*Trichechus Inunguis*) from a Rehabilitation Program in Brazil. **Journal of Zoo and Wildlife Medicine**, v. 55, n. 1, 5 mar. 2024.

CORDEIRO, R. D. A. *et al.* *Candida parapsilosis* complex in veterinary practice: A historical overview, biology, virulence attributes and antifungal susceptibility traits. **Veterinary Microbiology**, v. 212, p. 22–30, dez. 2017.

CROXATTO, A.; PROD'HOM, G.; GREUB, G. Applications of MALDI-TOF mass spectrometry in clinical diagnostic microbiology. **FEMS Microbiology Reviews**, v. 36, n. 2, p. 380–407, mar. 2012.

DESBIEZ, A. L. J. Avaliação do risco de extinção do cateto *Pecari tajacu* Linnaeus, 1758, no Brasil. **Avaliação do Risco de Extinção do Cateto Pecari tajacu Linnaeus, 1758, no Brasil**, v. 2, n. 1, p. 74–83, 2012.

DORADO, G. *et al.* Analyzing Modern Biomolecules: The Revolution of Nucleic-Acid Sequencing – Review. **Biomolecules**, v. 11, n. 8, p. 1111, 28 jul. 2021.

EVREN, E. *et al.* Medically important *Candida* spp. identification: an era beyond traditional methods. **Turkish Journal of Medical Sciences**, v. 52, n. 3, p. 834–840, 1 jan. 2022.

GLUSHAKOVA, A.; KACHALKIN, A. Wild and partially synanthropic bird yeast diversity, in vitro virulence, and antifungal susceptibility of *Candida parapsilosis* and *Candida tropicalis* strains isolated from feces. **International Microbiology**, v. 27, n. 3, p. 883–897, 24 out. 2023.

GONZÁLEZ-HEIN, G.; GONZÁLEZ, J.; DÍAZ, M. Detection of yeasts in cloacae of two species of native psittacine birds in a Chilean rehabilitation center. **Archivos de Medicina Veterinaria**, v. 42, n. 2, p. 105–108, 2010.

GOVRINS, M.; LASS-FLÖRL, C. *Candida parapsilosis* complex in the clinical setting. **Nature Reviews Microbiology**, v. 22, n. 1, p. 46–59, jan. 2024.

HAMAD, I. *et al.* Pathogenic eukaryotes in gut microbiota of western lowland gorillas as revealed by molecular survey. **Scientific reports**, v. 4, p. 6417, 18 set. 2014.

HARIDY, M. *et al.* *Candida parapsilosis* and *Candida tropicalis* infections in an Okhotsk snailfish (*Liparis ochotensis*). **Journal of Veterinary Medical Science**, v. 80, n. 11, p. 1676–1680, 2018.

JONANI, B. *et al.* Reported prevalence and comparison of diagnostic approaches for *Candida africana*: a systematic review with meta-analysis. **Diagnostic and Prognostic Research**, v. 8, n. 1, p. 16, 5 dez. 2024.

KANO, R. *et al.* Molecular identification of *Candida parapsilosis* from crop mucosa in a cockatiel. **Journal of veterinary diagnostic investigation** v. 13, n. 5, p. 437–439, set. 2001.

KEIGHLEY, C. *et al.* *Candida tropicalis* —A systematic review to inform the World Health Organization of a fungal priority pathogens list. **Medical Mycology**, v. 62, n. 6, p. myae040, 27 jun. 2024.

- KUMAR, S. *et al.* Overview on the Infections Related to Rare Candida Species. **Pathogens**, v. 11, n. 9, p. 963, 24 ago. 2022.
- LAMM, C. G. *et al.* Granulomatous rhinitis due to *Candida parapsilosis* in a cat. **Journal of Veterinary Diagnostic Investigation**, v. 25, n. 5, p. 596–598, set. 2013.
- LOPES, J. P.; LIONAKIS, M. S. Pathogenesis and virulence of *Candida albicans*. **Virulence**, v. 13, n. 1, p. 89–121, 31 dez. 2022.
- MA, L. *et al.* Impact of the microbiome on human, animal, and environmental health from a One Health perspective. **Science in One Health**, v. 2, p. 100037, 2023.
- MARINHO, P. H.; DA SILVA, M.; LISBOA, C. M. C. A. Presence of the collared peccary *Pecari tajacu* (Artiodactyla, Tayassuidae) in the far northeast of its Brazilian distribution. **Neotropical Biology and Conservation**, v. 14, n. 4, p. 499–509, 16 dez. 2019.
- PESSOA, C. A. Avaliação da microbiota bacteriana e fúngica presente na cloaca de jabutis (*Geochelone carbonaria*) criados em domicílio e análise do potencial risco a saúde humana. fev. 2009.
- REAGAN, K. L. *et al.* Risk factors for *Candida* urinary tract infections in dogs and cats. **Journal of Veterinary Internal Medicine**, v. 33, n. 2, p. 648–653, mar. 2019.
- RHIMI, W. *et al.* Wild Boar (*Sus scrofa*) as Reservoir of Zoonotic Yeasts: Bioindicator of Environmental Quality. **Mycopathologia**, v. 187, n. 2–3, p. 235–248, jun. 2022.
- ROMEO, O.; CRISEO, G. *Candida africana* and its closest relatives: *Candida africana*: the non-conforming strain. **Mycoses**, v. 54, n. 6, p. 475–486, nov. 2011.
- SIVAKUMAR, V. G. *et al.* Use of CHROMagar in the Differentiation of Common Species of *Candida*. **Mycopathologia**, v. 167, n. 1, p. 47–49, jan. 2009.
- SKELDON, N. *et al.* *Candida parapsilosis* complex infection in a cutaneous lesion from a dog: Spotlight on an opportunistic pathogen of potential increasing importance. **Veterinary Clinical Pathology**, v. 49, n. 4, p. 655–659, dez. 2020.
- TAKAHASHI, H. *et al.* *Candida albicans* and *C. tropicalis* Isolates from the Expired Breaths of Captive Dolphins and Their Environments in an Aquarium. **Veterinary Medicine International**, v. 2010, p. 1–12, 2010.
- VECHERSKII, M. *et al.* Anthropogenic Neighborhood Impact on Bacterial and Fungal Communities in Polar Bear Feces. **Animals**, v. 13, n. 13, jul. 2023.
- WHITE, T. J. *et al.* **AMPLIFICATION AND DIRECT SEQUENCING OF FUNGAL RIBOSOMAL RNA GENES FOR PHYLOGENETICS**. Em: **PCR Protocols**. Elsevier, 1990. p. 315–322.
- ZHAI, L. *et al.* Isolation and identification of *Candida tropicalis* in sows with fatal infection: a case report. **BMC Veterinary Research**, v. 17, n. 1, p. 108, dez. 2021.

## 6. CONCLUSÃO

Este trabalho representa um avanço significativo no entendimento da microbiota fúngica de animais silvestres, especificamente em catetos (*Pecari tajacu*). A identificação e o isolamento de cepas de *Candida* nesses animais contribuem para preencher lacunas de conhecimento sobre a diversidade e a ecologia dessas leveduras em espécies de vida livre.

Este estudo pioneiro sobre a microbiota fúngica de catetos oferece um modelo para futuras pesquisas e estabelece uma base para investigações adicionais, visando elucidar as dinâmicas microbianas em animais silvestres e suas implicações no contexto de mudanças ecológicas e antropogênicas.

## 7. REFERÊNCIAS

- ACOSTA, L. E. *et al.* Unraveling the nomenclatural puzzle of the collared and white-lipped peccaries (Mammalia, Cetartiodactyla, Tayassuidae). **Zootaxa**, v. 4851, n. 1, 9 set. 2020.
- APARICIO, P. E.; PLANA, C. L. **Atlas de Anatomia de Espécies Silvestres Amazônicas Volume I - Mamíferos Taxonomia das Espécies Aparelho Digestório**. Editora Associada a Associação Brasileira das Editoras Universitárias. 2021.
- CAFARCHIA, C. *et al.* *Candida auris* from the Egyptian cobra: Role of snakes as potential reservoirs. **Medical mycology**, v. 62, n. 7, p. myae056, 4 jul. 2024.
- CHUNG, Y.-S. *et al.* Comprehensive Review of COVID-19: Epidemiology, Pathogenesis, Advancement in Diagnostic and Detection Techniques, and Post-Pandemic Treatment Strategies. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 25, n. 15, p. 8155, 26 jul. 2024.
- CUBAS, Z. S.; SILVA, J. C. R.; CATÃO-DIAS, J. L. **Tratado de Animais Selvagens**. 2. ed. São Paulo: ROCA, 2014. v. 1
- DALL'ARA, J. **Manipulação da carne de tatu representa riscos para a saúde humana. Jornal da USP**, 6 jun. 2022. Disponível em: <<https://jornal.usp.br/atualidades/manipulacao-da-carne-de-tatu-representa-riscos-para-a-saude-humana/#:~:text=%E2%80%9CA%20carne%20do%20tatu%20pode,o%20bacilo%20da%20epira%20%E2%80%94%20a>>
- DALLAS, J. W.; WARNE, R. W. Captivity and Animal Microbiomes: Potential Roles of Microbiota for Influencing Animal Conservation. **Microbial Ecology**, v. 85, n. 3, p. 820–838, abr. 2023.
- DAWOUD, A. M. *et al.* Antifungal susceptibility and virulence determinants profile of *Candida* species isolated from patients with candidemia. **Scientific Reports**, v. 14, n. 1, p. 11597, 21 maio 2024.
- DE ALBUQUERQUE, N. I. *et al.* **Criação de caititus em cativeiro: sistema intensivo de produção na Amazônia Oriental**. [s.l.] Embrapa, 2016.
- DE MORAIS, A. B. C. *et al.* Aspectos da Criação de Tayassuídeos no Brasil. **Aspectos da Criação de Tayassuídeos no Brasil**, p. 650–661, 2017.
- DESBIEZ, A. L. J. Avaliação do risco de extinção do cateto *Pecari tajacu* Linnaeus, 1758, no Brasil. **Avaliação do Risco de Extinção do Cateto Pecari tajacu Linnaeus, 1758, no Brasil**, v. 2, n. 1, p. 74–83, 2012.
- DONNELLY, K. A.; WELLEHAN, J. F. X. J.; QUESENBERRY, K. Gastrointestinal Disease Associated with Non-albicans *Candida* Species in Six Birds. **Journal of avian medicine and surgery**, v. 33, n. 4, p. 413–418, 9 dez. 2019.
- EL-SAYED, A.; ALEYA, L.; KAMEL, M. Microbiota's role in health and diseases. **Environmental Science and Pollution Research**, v. 28, n. 28, p. 36967–36983, jul. 2021.

FAN, Y.; WU, L.; ZHAI, B. The mycobiome: interactions with host and implications in diseases. **Current Opinion in Microbiology**, v. 75, p. 102361, out. 2023.

GONGORA, J. *et al.* **The IUCN Red List of Threatened Species 2011**: 2011. Disponível em: <<http://www.iucnredlist.org/details/41777/0>>. Acesso em: 20 jan. 2025

GBIF. *Candida* Berkhout, 1923 in GBIF Secretariat (2023). **GBIF Backbone Taxonomy. Checklist dataset** <https://doi.org/10.15468/39omei>.

HANAZAKI, N. **Biodiversidade utilizada na alimentação dos povos indígenas do Brasil Implicações para a Segurança Alimentar e Nutricional**. Trabalho de Conclusão de Curso — Botucatu, São Paulo. 2023.

KARAGOZ, A. *et al.* Monkeypox (mpox) virus: Classification, origin, transmission, genome organization, antiviral drugs, and molecular diagnosis. **Journal of Infection and Public Health**, v. 16, n. 4, p. 531–541, abr. 2023.

KEUROGHLIAN, A. *et al.* História natural dos artiodáctilos nativos da Bacia do Alto Paraguai com apontamentos sobre taxonomia, distribuição, abundância, ecologia e conservação. **Boletim do Museu Paraense Emílio Goeldi - Ciências Naturais**, v. 17, n. 1, p. 115–162, 3 jun. 2022.

LAI, G. C.; TAN, T. G.; PAVELKA, N. The mammalian mycobiome: A complex system in a dynamic relationship with the host. **WIREs Systems Biology and Medicine**, v. 11, n. 1, p. e1438, jan. 2019.

LOPES, J. P.; LIONAKIS, M. S. Pathogenesis and virulence of *Candida albicans*. **Virulence**, v. 13, n. 1, p. 89–121, 31 dez. 2022.

MA, L. *et al.* Impact of the microbiome on human, animal, and environmental health from a One Health perspective. **Science in One Health**, v. 2, p. 100037, 2023.

MACIAS-PAZ, I. U. *et al.* *Candida albicans* the main opportunistic pathogenic fungus in humans. **Revista Argentina de Microbiología**, v. 55, n. 2, p. 189–198, abr. 2023.

MARINHO, P. H.; DA SILVA, M.; LISBOA, C. M. C. A. Presence of the collared peccary *Pecari tajacu* (Artiodactyla, Tayassuidae) in the far northeast of its Brazilian distribution. **Neotropical Biology and Conservation**, v. 14, n. 4, p. 499–509, 16 dez. 2019.

MBA, I. E.; NWEZE, E. I. Mechanism of *Candida* pathogenesis: revisiting the vital drivers. **European Journal of Clinical Microbiology & Infectious Diseases**, v. 39, n. 10, p. 1797–1819, out. 2020.

NARDONI, S. *et al.* Survey on the fungal flora of the cloaca of healthy pet reptiles. **Revue De Medecine Veterinaire**, v. 159, n. 3, p. 159–165, mar. 2008.

NOBRE, M. L. DE M. *et al.* A systematic review of the microbial community in taiassuids: a One Health approach. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 54, n. 3, p. 2485–2496, set. 2023.

RAMÍREZ-PULIDO, J. *et al.* **List of recent land mammals of Mexico, 2014**. Lubbock, TX: Museum of Texas Tech University, 2014. v. 63

RANA, S. *et al.* Role of *Candida* in the bioremediation of pollutants: a review. **Letters in Applied Microbiology**, v. 76, n. 9, p. ovad103, 1 set. 2023.

REAGAN, K. L. *et al.* Risk factors for *Candida* urinary tract infections in dogs and cats. **Journal of Veterinary Internal Medicine**, v. 33, n. 2, p. 648–653, mar. 2019.

SHARMA, A.; AHMAD FAROUK, I.; LAL, S. K. COVID-19: A Review on the Novel Coronavirus Disease Evolution, Transmission, Detection, Control and Prevention. **Viruses**, v. 13, n. 2, p. 202, 29 jan. 2021.

SIMI, W. B. *et al.* Yeasts and filamentous fungi in psittacidae and birds of prey droppings in midwest region of Brazil: a potential hazard to human health. **Brazilian Journal of Biology**, v. 79, n. 3, p. 414–422, set. 2019.

SOUZA, I. L. D. A. *et al.* Distribuição temporal e espacial dos casos de raiva animal no estado do Rio Grande do Norte. **Revista Acadêmica Ciência Animal**, v. 22, 23 jul. 2024.

TORTORANO, A. M. *et al.* Candidemia: Evolution of Drug Resistance and Novel Therapeutic Approaches. **Infection and Drug Resistance**, v. Volume 14, p. 5543–5553, dez. 2021.

WHALEY, S. G. *et al.* Azole Antifungal Resistance in *Candida albicans* and Emerging Non-albicans *Candida* Species. **Frontiers in Microbiology**, v. 7, 12 jan. 2017.

WHO. **WHO Fungal Priority Pathogens List to Guide Research, Development and Public Health Action**. 1st ed ed. Geneva: World Health Organization, 2022.